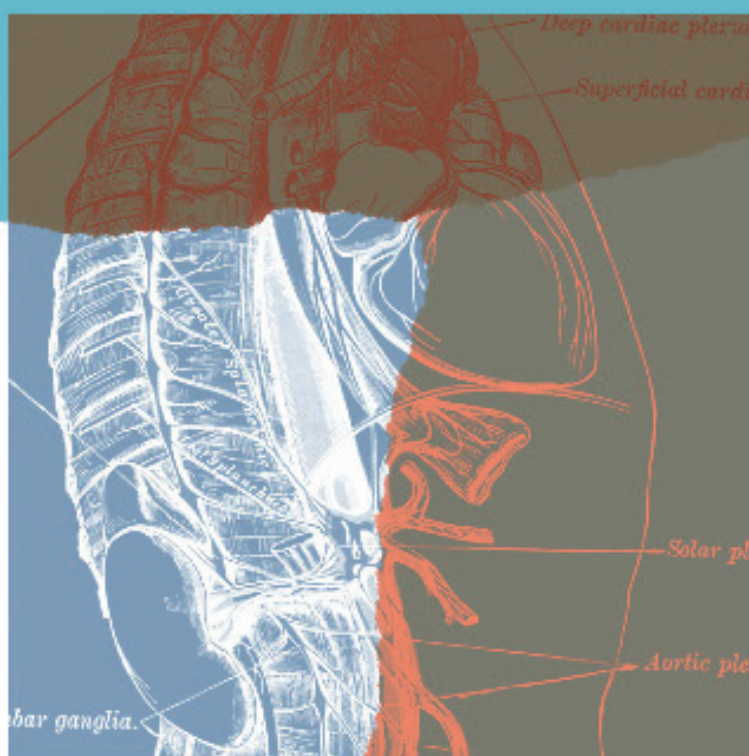


REVISTA DE LA DIVISIÓN
DE CIENCIAS DE LA SALUD
DE LA UNIVERSIDAD DEL NORTE

Salud Uninorte



EDICIÓN ESPECIAL
XI Simposio Colombiano y
VII Congreso Latinoamericano de Virología
Núm. 01 - 2025

EDITORIAL
uninorte

EDITORES / EDITORS

CARLO VINICIO CABALLERO URIBE. *Editor / Editor*
LUZ MARINA ALONSO. *Phd. Coeditora / Coeditor.*
LUISA BALDOVINO ROMERO. *Asistente Editorial / Editorial Assistant*

COMITÉ EDITORIAL / EDITORIAL COMMITTEE

MIGUEL PÉREZ
California State University, Fresno, Estados Unidos
RAFFY REINALDO LUQUIS
Estados Unidos
FABIÁN LEONARDO MUÑOZ
Universidad Nacional de Córdoba, Argentina
AUGUSTO SOLA
Emory University Estados Unidos
GRACIELA FABIANA SCRUIZZI
Universidad Nacional de Córdoba, Argentina
DENISSE LISETTE MANRIQUE MILLONES
Katholieke Universiteit Leuven, Bélgica
IGOR IVÁN CIGARROA CUEVAS
Universidad Santo Tomás, Chile
MIGUEL GARCES PRETTEL
Universidad Tecnológica de Bolívar, Colombia
NORMA SERRANO
Universidad Autónoma de Bucaramanga, Colombia
RAFAEL DE JESÚS TUESCA-MOLINA
Universidad Del Norte, Colombia
GLORIA GARAVITO
Universidad del Norte, Colombia
ROXANA DE LAS SALAS
Universidad del Norte, Colombia

DIRECTIVAS / BOARD OF DIRECTORS

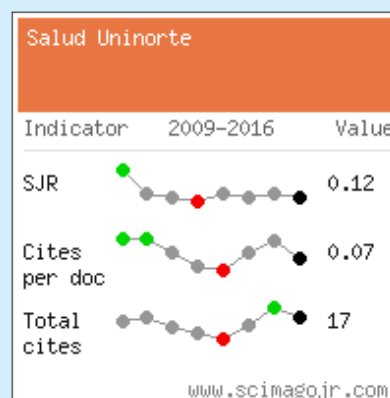
ADOLFO MEISEL ROCA
Rector / Principal
ALBERTO MARIO DE CASTRO CORREA
Vicerrector Académico / Academic Vice Principal
JAVIER PÁEZ SAAVEDRA
Vicerrector de Investigación, Creación e Innovación / Vice Principal of Research Development and Innovation
MARÍA DEL PILAR GARAVITO GALOFRE
Decana División Ciencias de la Salud / Dean of Health Sciences Division

VOLUNTARIADO

KEREN ELENA PAREJO YEPES
Monitora de revista científica

COMITÉ CIENTÍFICO / SCIENTIFIC COMMITTEE

MARIO ROBERTO DAL POZ
Universidad del Estado De Río de Janeiro, Brasil
RUTH ANUNCIACIÓN IGUIÑIZ ROMERO
Universidad Peruana Cayetano Heredia, Perú
ANA QUIROGA
Universidad de Buenos Aires, Argentina
RICARDO CISNEROS
California State University, Merced, Estados Unidos
JORGE ENRIQUE DELGADO TRONCOSO
University of Pittsburgh, Estados Unidos
YANIN ELENA SANTOYA MONTES
Universidad Tecnológica de Bolívar, Colombia
GUSTAVO CELIS REGALADO
Universidad de la Sabana, Colombia
ADALBERTO CAMPO ARIAS
Universidad del Magdalena, Colombia
ANTONIO IGLESIAS GAMARRA
Universidad Nacional de Colombia
JOSÉ JUAN AMAR AMAR
Universidad del Norte, Colombia
LILA PIEDAD VISBAL SPIRKO
Universidad del Norte, Colombia
MARÍA DEL ROSARIO RIVERA BARRAGA
Universidad Veracruzana, México
VICTORIA EUGENIA BOLADO GARCÍA
Universidad Veracruzana, México



Dirección postal:
Universidad del Norte
A. A. 1569 Barranquilla (Colombia)

Dirección contacto:
saluduninorte@uninorte.edu.co
Sitio Web: <https://rcientificas.uninorte.edu.co/index.php/salud>
<https://rcientificas.uninorte.edu.co/index.php/salud/about>

SALUD UNINORTE

Fundada en marzo de 1984

FUNDADORES

Decano: Jaime Caballero Corvacho

Editor: Jaime Castro Blanco

DECANOS DE LA FACULTAD DE MEDICINA

Fuad Rumie F. (1974-1981)

Jaime Caballero Corvacho (1981-1985)

Francisco Sales Puccini (1985)

Hugo Flórez Moreno (1986-1991)

Carlos Malabet Santoro (1992-2004)

Hernando Baquero Latorre (2005 - 2023)

María del Pilar Garavito Galofre (2024 - al presente)

EDITORES Y COEDITORES DE SALUD UNINORTE

Jaime Castro Blanco (Editor 1984 -1987)

Arcelio Blanco Núñez (Editor 1988 -1992)

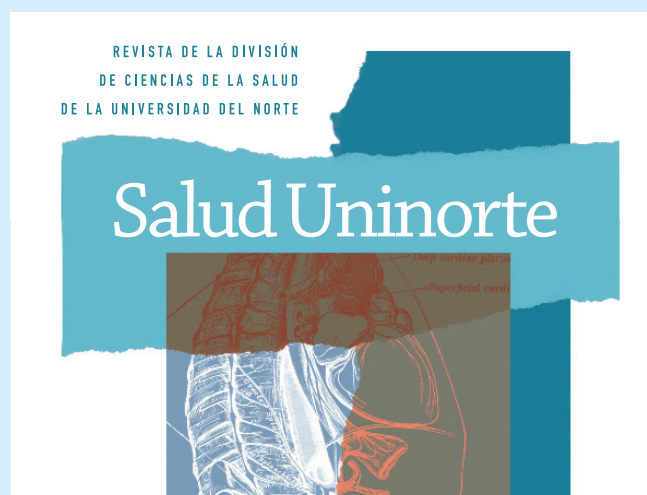
Carlos Hernández Cassis (Editor 1993 -1998)

Carlo Vinicio Caballero (Editor 1999 - 2001)

Gloria Garavito de Egea (Editora 2002 - 2005)

Carlo V. Caballero Uribe (Editor 2005 - al presente)

Luz Marina Alonso Palacio (Coeditora 2005 - al presente)



MISIÓN / MISSION

SALUD UNINORTE es el órgano de divulgación oficial de la División de Ciencias de la Salud de la Universidad del Norte (Barranquilla, Colombia). Publica artículos originales, revisiones, descripción de casos clínicos y artículos especiales que se consideran del ámbito de la revista en medicina clínica, salud pública y ciencias biomédicas. Cada manuscrito es revisado y sometido a un proceso de evaluación por pares. Esta revista está dirigida a profesionales del área de la salud y estudiantes de la Universidad del Norte y de otras universidades, hospitales e instituciones. SALUD UNINORTE fue fundada en 1984 y se publica tres veces al año. Se adhiere a los principios de Acceso Abierto.

SALUD UNINORTE is the official Journal of the Health Sciences Division at the Universidad del Norte in which original articles, reviews, clinical cases description and special articles are published on topics of clinical medicine, public health and biomedical sciences. Each manuscript is peer reviewed and publishes original research articles, reviews and clinical case descriptions from scientists, physicians and medical students from the Universidad del Norte and other universities, hospitals and institutes. SALUD UNINORTE is published three times a year. SALUD UNINORTE follows Open Access principles.

Indexaciones en: / indexed in:

- Índice Bibliográfico Nacional –Publindex–
- Scopus (Elsevier)
- Scientific Electronic Library Online (Scielo)
- Scielo Citation Index
- Redalyc: Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal
- Lilacs: Literatura Latinoamericana y del Caribe en Ciencias de la Salud
- Latindex: Sistema regional de información en línea para revistas científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal
- Periódica: Índice de Revistas Latinoamericanas en Ciencia
- Imbiomed: Índice de Revistas Biomédicas Latinoamericanas
- Hinari (WHO access to research initiative)
- Doaj: Directory of Open Access Journals
- Index Copernicus Internacional
- Worldcat (Catálogo Mundial de Colecciones de Bibliotecas)
- Scirus. For Scientific Information Only
- Ulrich's Periodicals Directory
- Mediciatrina
- EBSCO

Una producción de
Editorial Universidad del Norte

Coordinación editorial
María Margarita Mendoza Medina
Mariela González Hawkins

Asistente Coordinación editorial
Fabián Buelvas González

Diagramación
Luz Miriam Giraldo Mejía

Corrección de textos
Henry Stein / Teresa Beltrán

Diseño de portada e interiores
Joaquín Camargo Valle

Analista de producción intelectual
Marcela Villegas Gallego

XI Simposio Colombiano y VII Congreso Latinoamericano de Virología
Compendio de resúmenes
Universidad del Norte, Barranquilla, Colombia
13 al 15 de noviembre de 2025

INSTITUCIONES ORGANIZADORAS
Universidad del Norte
Instituto Nacional de Salud
Asociación Colombiana de Virología

EMPRESAS ALIADAS

PLATINO

Scientific Products

ORO

GILEAD

NVP

ThermoFisher Scientific

ROCHEM BIO CARE

Illumina

PLATA

ANNAR Health Technologies

ISLA

KAIKA

MACROSEARCH

SALIM MATTAR VELILLA
Universidad de Córdoba, Montería
ISABEL MORENO CABRERA
Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria, AGROSAVIA, sede Palmira, Valle del Cauca

JUNTA DIRECTIVA ASOCIACIÓN COLOMBIANA DE VIROLOGÍA

JORGE CASTILLO RAMÍREZ

Presidente

Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá

JORGE EDUARDO FORERO

Vicepresidente

Universidad de Antioquia, Medellín

NELSON SANTANA

Secretario

Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales (UDCA), Bogotá

SANTIAGO RENDÓN MARÍN

Representante de Estudiantes

Corporación Universitaria Remington, Medellín

Jhann Arturo

Tesorero

Inmugen Corporation

COMPILADOR

HOMERO SAN JUAN VERGARA

Universidad del Norte, Barranquilla

COMITÉ ORGANIZADOR

HOMERO SAN JUAN VERGARA

Universidad del Norte, Barranquilla

JORGE CASTILLO RAMÍREZ

Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá

MARÍA CRISTINA NAVAS NAVAS

Universidad de Antioquia, Medellín

SANTIAGO RENDÓN MARÍN

Corporación Universitaria Remington, Medellín

JOSÉ USME CIRO

Universidad Cooperativa de Colombia, Santa Marta

COMITÉ CIENTÍFICO

MARÍA CRISTINA NAVAS NAVAS

Universidad de Antioquia, Medellín

JORGE CASTILLO RAMÍREZ

Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá

SANTIAGO RENDÓN MARÍN

Corporación Universitaria Remington, Medellín

JOSÉ USME CIRO

Universidad Cooperativa de Colombia, Santa Marta

ADRIANA FORERO

Ohio State University, Columbus, Ohio, EEUU

HOMERO SAN JUAN VERGARA

Universidad del Norte, Barranquilla

JHON CARLOS CASTAÑO OSORIO

Universidad del Quindío, Armenia

El Comité Organizador del **XI Simposio Colombiano y VII Congreso Latinoamericano de Virología**, a realizarse en **Barranquilla del 13 al 15 de noviembre de 2025**, expresa su más sincero agradecimiento a todos los **pares evaluadores** que participaron en la revisión de los resúmenes recibidos para este evento.

Su compromiso, rigor académico y valioso aporte científico fueron fundamentales para garantizar la calidad y pertinencia de las contribuciones que conforman el programa académico del simposio.

Agradecemos profundamente el tiempo y dedicación brindados en este proceso, que contribuye al fortalecimiento de la investigación y al avance del conocimiento en el campo de la virología en Colombia y América Latina.

Isabel Moreno, *Centro de Investigaciones Palmira, Agrosavia, Colombia*

Gloria Castillo, *Universidad del Magdalena, Colombia.*

Katherine Layton, *Instituto Nacional de Salud, Colombia*

Geysson Fernández, *Universidad de Antioquia, Colombia*

Johana Arroyave, *Universidad de Antioquia, Colombia*

Jorge Andrés Castillo, *Pontificia Universidad Javeriana, Colombia.*

Salim Mattar, *Universidad de Córdoba, Colombia.*

Homero San Juan, *Universidad del Norte, Colombia*

Jhon Carlos Castaño, *Universidad del Quindío, Colombia.*

Diana Giraldo, *Secretaría Distrital de Salud, Colombia.*

Juan Carlos Hernández, *Universidad Cooperativa de Colombia.*

Felipe Valdés, *Universidad de Antioquia, Colombia.*

Adriana Forero, *The Ohio State University, EEUU.*

Santiago Rendón Marín, *Corporación Universitaria Remington, Colombia.*

Fabián Cortes, *Instituto Tecnológico Metropolitano (ITM), Colombia.*

María Cristina Navas, *Universidad de Antioquia, Colombia.*

Martha Vives, *Universidad de los Andes, Colombia.*

José A. Usme Ciro, *Universidad Cooperativa de Colombia.*

Aura Catherine Rengifo, *Instituto Nacional de Salud, Colombia.*

Julián Ruiz Sáenz, *Universidad Cooperativa de Colombia.*

Ana María Muñoz Restrepo, *Universidad de Antioquia, Colombia.*

José Alejandro Ramírez, *Universidad de Antioquia, Colombia.*

Jaime Castellanos, *Universidad del Bosque, Colombia.*

Cristina Úsuga, *Corporación Universitaria Remington, Colombia.*

María Camila López, *Universidad de Antioquia, Colombia.*

Jairo Jaime, *Universidad Nacional de Colombia.*

Gloria Ramírez, *Universidad Nacional de Colombia.*

Jorge Forero, *Universidad de Antioquia, Colombia.*

Felix Giovanni Delgado, *Universidad del Bosque, Colombia.*

Susana Vargas, *Universidad Nacional de Colombia.*

Juan David Rodas, *Universidad de Antioquia, Colombia.*

Diego A. Álvarez Díaz, *Instituto Nacional de Salud, Colombia.*

Manuel Franco, *Universidad Javeriana, Colombia.*

Sharon Penagos, *Universidad de Antioquia, Colombia.*

Federico Perdomo, *Pontificia Universidad Javeriana, Colombia.*

Claudia Cuervo, *Pontificia Universidad Javeriana, Colombia.*

Santiago Álvarez, *Universidad EAFIT, Colombia.*

María Mercedes González, *Universidad del Quindío, Colombia.*

Pilar Andrea Tavera, *Organización Panamericana de la Salud, Colombia.*

Gabriel Parra Henao, *Universidad Cooperativa de Colombia.*

Javier Jaimes, *Universidad Nacional de Colombia.*

Albeiro López Herrera, *Universidad Nacional de Colombia.*

Nelson Santana, *Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales – UDCA.*

Juan Carlos Ulloa, *Universidad Javeriana, Colombia.*

Wildeman Zapata, *Universidad Cooperativa de Colombia.*

Marian Jaime, *Pontificia Universidad Javeriana, Colombia.*

Luz Helena Patiño, *Universidad del Rosario, Colombia.*

Natalia Taborda, *Corporación Universitaria Remington, Colombia.*

Andrew Muñoz Gamba, *State University of New York, Albany, EEUU.*

Dioselina Peláez, *Instituto Nacional de Salud, Colombia.*

Fernando De La Hoz, *Universidad Nacional de Colombia.*

Mauricio Rojas, *Universidad de Antioquia, Colombia.*

Karl Ciudoderis, *Universidad de los Llanos, Colombia.*

Jhann Arturo, *Universidad del Bosque, Colombia.*

Maritza Cuervo, *Centro Internacional de Agricultura Tropical – CIAT.*

Carolina Montoya, *Universidad Nacional de Colombia.*

Mónica Higuaita, *Universidad Nacional de Colombia.*

Marlén Martínez, *Universidad de Antioquia, Colombia.*

Rafael José Vivero, *Universidad Nacional de Colombia.*

Daniel Ramírez Osorio, *Universidad Cooperativa de Colombia.*

Alexandra Porras, *Universidad del Bosque, Colombia.*

Katherine Molina, *Universidad de Antioquia, Colombia.*

Contenido

Presentación V

*Homero Gabriel San Juan Vergara,
Jorge Andrés Castillo Ramírez*

Revelando el papel del gen AGO4 frente al virus de la hoja blanca del arroz: de la transformación a la estructura proteica 1

*Jhojan Nañez, Sandra Valdes, Maribel Cruz-Gallego,
Camila Rebolledo, Mathias Lorieux, Maria Fernanda Alvarez,
Paul Chavarriaga*

Análisis filogenético del virus de la rabia en mamíferos domésticos y silvestres del Estado de São Paulo (Brasil) 3

*Diana Carolina Martínez Martínez, Nelson Fernando Santana Clavijo,
Guido Alberto König, Paulo Eduardo Brandão, Bárbara A. Ribeiro Pilão*

Establecimiento de un modelo de infección in vitro, con los cuatro serotipos del virus del dengue, mediado por en el mecanismo de potenciación dependiente de anticuerpos 5

Jorge Enrique López Dubon

Validación de la genotipificación del virus del papiloma humano mediante secuenciación de Oxford Nanopore en tejidos fijados en formol e incluidos en parafina y en muestras anales y ginecológicas en medio ThinPrep.8

Carolina Hernandez, Luz H. Patiño, Milena Camargo, Ching Yi Wang, Feng Chen, Bernadette Liggayu, Liyong Cao, Carlos Cordon-Cardo, Emilia M. Sordillo, Alberto Paniz-Mondolfi, Juan D. Ramírez

Caracterización epidemiológica y clínica de la infección por coronavirus felino (FCoV) en felinos domésticos de Bogotá y Medellín (Colombia)10

Leidy Alejandra Giraldo-Martínez, Alida Carolina Valencia-Gafaro, Juan Camilo Álvarez-Díaz, Jorge Andrés Castillo-Ramírez, Cesar Orlando Muñoz-Cadavid

Estudio de la actividad sinérgica antiviral de fármacos inhibitorios de la función de clivaje de la furina y la síntesis de ácidos grasos como potencial tratamiento contra el COVID-1912

Oliver Viera-Segura, Carlos Ernesto Mora Ornelas, Carlos Daniel Díaz Palomera, Brenda Sandoval Martínez, José Francisco Muñoz Valle

El contacto con el dengue virus atenúa la gravedad de la enfermedad por COVID-19: evidencia de análisis serológicos y clínicos en una cohorte mexicana14

Oliver Viera-Segura, Edgar D. Copado-Villagrana, Nora A. Fierro

La curcumina inhibe la infección *in vitro* por SARS-CoV-2 en células Vero E6 a través de múltiples mecanismos antivirales16

Damariz Marín-Palma, Jorge H. Tabares-Guevara, Wildeman Zapata-Builes, Juan C. Hernandez, Natalia A. Taborda

Epidemiología molecular del virus de la hepatitis B y sus mutaciones asociadas a la resistencia en el gen de la polimerasa en las Américas 18

*Itzel A. Ruvalcaba, Carlos Daniel Díaz- Palomera,
Adrián Alejandro Silva-Ríos, José Francisco Muñoz-Valle,
Oliver Viera-Segura*

Diseño de una herramienta bioinformática para la obtención de oligonucleótidos aplicados a un sistema de detección simultánea de virus respiratorios. 20

*Daniel Acosta Uribe, Leidy Johana Madroñero, Nuri Andrea Merchán,
Eliana Patricia Calvo, Jaime Eduardo Castellanos*

Identificación de genotipos y linajes de los serotipos del virus dengue en Cartagena (Colombia) durante 2018-2022 22

Eder Cano-Pérez, Doris Gómez-Camargo, Dacia Malambo-García

Frotis periférico: olvidado pero esencial. Blastocnidias intracelulares como clave diagnóstica en histoplasmosis diseminada y VIH avanzado 24

*Damian Ochoa Güette, Ariel Navarro Becerra, Carolina Caicedo Sánchez,
Lisha Cruz Soto, Michael Vélez Lora, Jaime Barros Pájaro*

Evaluación del potencial inmunomodulador de β -glucanos de hongos funcionales sobre células humanas primarias expuestas a virus sincitial respiratorio (RSV) 26

*María Camila Loaiza Ceballos, Juan Carlos Hernández,
José Aldemar Ciro Usme, Santiago Rendón Marín,
Diana Carolina Quintero Gil, Diana Maryory Gómez Gallego*

Cuatro enemigos, una médula: Linfocitosis hemofagocítica por *Histoplasma capsulatum*, citomegalovirus, virus de Epstein - Barr y VIH 28

*Edwin Torres Acosta, Damian Ochoa Güette, Ariel Navarro Becerra,
Carolina Caicedo Sánchez, Lisha Cruz Soto, Michael Vélez Lora*

Consecuencias de la infección por dengue y de la coinfección genital por microorganismo atípico en paciente gestante: implicaciones del diagnóstico molecular 30

*David Suárez-Consuegra, Samuel Guerra-Beltrán, Mariana Devia,
Jezid Miranda-Quintero, Margarita Ochoa-Díaz*

Neumonía e ictericia por infección respiratoria viral: reporte de caso con presentación atípica y la importancia del diagnóstico molecular. 32

*Samuel Guerra-Beltrán, David Suárez-Consuegra, Julián Córdoba-Bertel,
Margarita Ochoa-Díaz*

Evaluación de coinfección en felinos domésticos positivos a FeLV 34

*Ángela M. Sánchez-Pamplona, Leidy Alejandra Giraldo-Martínez,
Julián Marín-Villa, Felipe Amador-Luján, Alida Carolina Valencia-Gafaro,
Juan Camilo Álvarez-Díaz, César Orlando Muñoz-Cadavid*

Prevalencia del virus de la hepatitis C y sus factores asociados en donantes de sangre de un hemocentro de Antioquia, 2012-2024 36

*Valeria Rúa-Rico, Carolina Gómez-Holguín, Valeria Rojas-Vega,
Jaiberth Antonio Cardona-Arias*

Ensayo clínico controlado del efecto antiviral de la azatioprina en caninos infectados con el virus del distemper canino: un estudio multicéntrico 38

*Carolina Ríos-Usuga, Sara Robledo, Marlen Martínez-Gutiérrez,
Julián Ruiz-Sáenz*

Circulación de genogrupos del virus de la enfermedad de Gumboro en Colombia: implicaciones para el control en granjas avícolas 40

*Arlen P. Gómez, Magda Beltrán-León, Camila Daza-León,
Gloria Consuelo Ramírez-Nieto*

Análisis *in silico* de la interacción entre propileno y proteínas clave en el ciclo de replicación VIH mediante acoplamiento y dinámica molecular 42

*Hernando Alirio Palacio Mosquera, Mariana González Idárraga,
Valeria Hernández Herrera, Juan José Mantilla Solarte,
Santiago Rendon-Marin, Diana Maryory Gómez-Gallego*

Caracterización de coinfecciones virales respiratorias detectadas en el Laboratorio de Salud Pública de Bogotá durante la vigilancia epidemiológica comprendida entre enero de 2024 a mayo de 2025 44

*Ibeth Patricia Bula Ricardo, Lina María Pineda Pulgarín,
Angelica María Gaitán Herrera*

Phylogenetic Analysis and Nonsynonymous Mutations in an Env Gene Fragment of FIV A in Colombian Cats 46

*Cristina Úsuga-Monroy, María Alejandra M. Zapata,
Gloria Y. Sánchez-Zapata, Daisy A. Gómez-Ruiz*

Oropouche Virus Molecular Field Data and Vector Competence: A Systematic Review of the Literature 48

José Fernando Gómez-Marín, Julián Ruiz-Sáenz

Vigilancia por laboratorio de sarampión, rubéola y síndrome de rubéola congénita - SRC en Colombia 2024-2025 . . . 50

*Carolina Peña Guzmán, Erika Ximena Ospitia Báez,
Neila Mayerly Pardo Díaz, Yariela Jenessa Acevedo Durán,
Sergio Yebrail Gómez Rangel*

Detección molecular del virus de encefalitis equina venezolana (VEEV) y del virus Madariaga (MADV) en roedores silvestres, mosquitos y equinos: un estudio piloto ecoepidemiológico en Valparaíso (Antioquia, Colombia). . . . 52

*Melissa C. Ortiz-Pineda, Marlén Martínez Gutiérrez,
José Aldemar Usme, Sergio Solari-Torres, Gabriel Parra-Henao,
Julián Ruiz Sáenz*

**Caracterización filogenética y filogeográfica del virus de
influenza equina H3N8 en Antioquia y Cundinamarca 54**

*Juliana González-Obando, Marlen Carrillo, Francisco J. Díaz,
Marie Garvey, Karl Ciuderis, Isabel Moreno, Jorge E. Forero,
Andrés Díaz, Carlos Rojas-Arbeláez, Ann Cullinane, Julián Ruiz-Sáenz*

**Alta prevalencia de virus de la coriomeningitis linfocítica
(LCMV) en ratones domésticos del área urbana del
municipio de Sincelejo, región Caribe de Colombia 56**

Karol Rueda-Concha, Marlon Arroyo, Luis E Paternina

**Caracterización molecular de variantes de reovirus aviar
aislados a partir de pollos de engorde en Perú 58**

*Doris Villanueva-Pérez, Luis Tataje-Lavanda, Ángela Montalván-Ávalos,
Gisela Isasi-Rivas, Diego Paredes-Inofuente, Suly Montoya-Ortiz,
Manolo Fernández-Sánchez, Eliana Icochea, Manolo Fernández-Díaz*

**Espectroscopía Raman como herramienta rápida para el
diagnóstico del virus del dengue a partir de muestras de suero . . . 60**

*Antonio J. Acosta-Hoyos, Aileen Y. Chang, Leonardo C. Pacheco-Londoño,
Juan David Alzate, Martha Guerra-Simanca, Jose Forero-Mejía,
Leonardo Arrieta-Rangel, Alfonso Sucerquia-Hernández*

Mechanisms of HIV Drug Resistance: Survival of the Fittest? 62

Antonio J. Acosta-Hoyos

**Evidencia molecular de circulación del genotipo 5 del
virus de la leucosis bovina (BLV) en Colombia 64**

*Magda Yoana Beltrán León, Jorge Luis Zambrano-Varón,
Arlen Patricia Gómez, Camila Daza-León, Gloria Consuelo Ramírez Nieto*

**Identificación molecular del coronavirus felino y sus
coinfecciones en felinos domésticos de diferentes centros
veterinarios de Colombia 66**

Carolina Ríos-Usuga, Lina M Rendón-Ramos, Ingrid L Jaramillo-Delgado

Inhibición de la replicación del SARS-CoV-2 por la apitoxina de *Apis mellifera* cubana 68

*Yaime Pino Ge, Zonia Martínez Benítez, Jessica Castellanos Pérez,
Danay Carrillo Valdes, Otto Cruz Su, Roilen Castaño Concepción,
Dayamí Martín Alfonzo, Yanin Rodríguez Hernández,
Marta Dubed Echevarría, Enrique Noa Romero*

Efectividad del medio de transporte viral inactivado (BioCen) para la conservación del material genético del SARS-CoV-2 70

*Danay Carrillo Valdés, Alexis Labrada Rosado, Melanie Canal Viera,
Otto Cruz Sui, Liuber Yans Machado Zaldívar,
Juliet María Enriquez Puertas, Enrique Noa Romero*

Caracterización del virus de influenza aviar H5N1 de alta patogenicidad en aves diagnosticadas con influenza aviar en Cuba 72

*Roislén Castaño Concepción, Carmen Laura Perera González,
Anibal Domínguez Odio, Horaski Martínez Carvajal,
Liuber Yans Machado Zaldívar, Mayelin Paneque Zayas,
Danay Carrillo Vladés, Madelin Blanco de Armas,
Adriana Mesa Delgado, Yaime Pino Ge, Otto Cruz Sui,
Nivian Montes de Oca Martínez, Enrique Noa Romero*

Adecuada respuesta de anticuerpos neutralizantes frente a la variante ómicron del SARS-CoV-2 en población cubana vacunada 74

*Enrique Noa Romero, Alicia Simón Peña, Danay Carrillo Valdés,
Yaime Pino Ge, Roilen Castaño Concepción, Neysi Valdez de Calzadilla,
Horaski Martínez Carvajal, Héctor Manuel Díaz Torres,
Karen Valdés Álvarez, Liuber Yans Machado Zaldívar,
Mireida Rodríguez Acosta, Otto Cruz Sui, Iris Ana Rojas García,
Yanicet Rosell la Rosa*

Análisis bioinformático del gen de la polimerasa del virus de la hepatitis B en muestras de individuos colombianos no sometidos a tratamiento antiviral 76

*Noris Pimienta De Armas, Néstor Montoya-Pérez,
María Cristina Navas, Fabián Cortés-Mancera*

Mutaciones preexistentes en el dominio transcriptasa de la polimerasa del virus de hepatitis B en muestras de comunidades indígenas de Suramérica 78

*Pimienta-De Armas Noris, Jaramillo-Herrera Mariana,
Navas Maria-Cristina, Cortés-Mancera Fabián*

Prevalence of Hepatitis B and C Markers Among Waste Pickers at the Marmolejo Dumpsite, Quibdó, Chocó, Colombia 80

*Lilian Darianny Agualimpia Asprilla, Mónica Lucía Soto-Velásquez,
María Cristina Navas*

Impacto de la vacuna de hepatitis A en la reducción del peso de la enfermedad en Bogotá: análisis epidemiológico cohorte 2009-2023 82

*Alejandro Rico-Mendoza, María-Cristina Navas,
Alexandra Porras-Ramírez*

Evaluación *in silico* del potencial impacto de microplásticos sobre la replicación viral y la eficacia terapéutica en el VIH-1 84

*Diana Maryory Gómez-Gallego, Santiago Rendon-Marin,
Manuel Ospina-Mejía, Natalia Taborda, Juan C. Hernández*

Efecto inmunomodulador de la vitamina D en la tormenta de citocinas inducida por SARS-CoV-2 en monocitos y macrófagos humanos 86

*Juan Felipe Valdés-López, Diana di Filippo, Sharon Penagos,
Lady Johanna Hernandez, Johanna C. Arroyave-Ospina,
Silvio Urcuqui-Inchima, Wbeimar Aguilar-Jiménez, María-Cristina Navas*

Evaluación *in silico* de la interacción de sulfasalazina con proteínas del VIH-1 y componentes del inflammasoma 88

Manuel Ospina-Mejía, Santiago Rendón-Marín, Juan C. Hernández, Natalia A. Taborda

Detección de coronavirus y paramixovirus en murciélagos en cuevas: uso de métodos no letales para la vigilancia epidemiológica 90

Gabriela Peña Bello, Juliana Herrera Ruiz, Ana María Sánchez Zapata, Cristina Úsuga Monrroy, Daisy A. Gómez-Ruiz

Mutaciones en el ORF de la polimerasa del virus de la hepatitis B en muestras de pacientes con infección crónica 92

Laura Isabel Montoya Martínez, Isabela Palacio Gaviria, José Alejandro Ramírez Suárez, Melissa Montoya Guzmán, Juan Carlos Restrepo, Mauricio Orrego, María Cristina Navas

***In Silico* Evaluation of Natural Compounds as Inhibitors of the Oropouche Virus Gc Glycoprotein 94**

Carlos Vargas-Echeverría, Oscar Saurith-Coronell, Juan Rodriguez-Macías, Edgar A. Márquez Brazón, José R. Mora, Fabio Fuentes-Gandara, José L. Paz, Franklin Salazar

Interacción entre las proteínas conservadas VP37, VP39 y 8ORV en *monkeypox virus* y el compuesto antiviral NIOCH-14: aproximación *in silico* 96

Lorena Pérez Londoño, Cristian Henao Morales, Deysi Tatiana Ospina Muñoz, Diana Maryory Gómez Gallego, Santiago Rendon-Marin

Virus del dengue serotipo 2 en Colombia: estado actual de la circulación del genotipo Cosmopolitan y su relación con la ocurrencia de casos y severidad de la enfermedad. 98

Lisethe Carolina Pardo Herrera, Mayra Alejandra Porras Gutierrez, Adriana Marcela Rodríguez Paz, Giselle Carolina Clavijo Yate, María Fernanda Bustamante Restrepo, Claudia Lizeth Cetina Baraja, Andrea Jineth Rodríguez Reyes, Martha Stella Ayala Sotelo, Sergio Yebrail Gómez Rangel

Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 in Wild and Domestic Birds: A Systematic Review and Meta-Analysis 100

Jorge Luis Bonilla-Aldana, Katterine Bonilla-Aldana, Jaime Castellanos, Alfonso J. Rodríguez-Morales

Caracterización de enterovirus circulantes en Colombia: experiencias en el brote de enfermedad de manos, pies y boca durante 2025 102

Paula Andrea Báez Triana, Paola Andrea Caro Burgos, Erika Ximena Ospitia Báez, Hernán Darío Castiblanco-Martínez, María Fernanda Carreño, Sergio Yebrail Gómez-Rangel

Disminución de los títulos neutralizantes contra la variante beta del SARS-CoV-2 en una población rural dispersa y no vacunada de la Sierra Nevada de Santa Marta (Colombia), obtenida con los linajes B.1.111 y B.1.420. . . 104

Luis Germán Caro, Juan Carlos Dib, Stacey Schultz-Cherry, Manuel K. Molina, Kendall Whitt, José Correa, Mariyuliana Royero, Valerie Florián

Producción de vDNA inducida por CHIKV en *Aedes albopictus*: evidencias *in vitro* e *in vivo* 106

Juan S. Mantilla-Granados, Eliana Calvo, Myriam Lucía Velandia-Romero, Jorge Luis de las Salas-Ali, Jaime E. Castellanos

**Caracterización genética del virus de influenza A
en Colombia: desafíos y perspectivas desde la
vigilancia virológica. 108**

Paula Rodríguez-Romero, Juan Camilo Martínez, Sergio Gómez-Rangel

**Fisiopatología de la infección por COVID-19 en relación
con la enfermedad de Chagas: seguimiento de una
cohorte de pacientes en el norte de Colombia antes y
durante la pandemia 110**

*Juan Carlos Dib, Stacey Schultz-Cherry, Manuel K. Molina,
Kendall Whitt, Andrés Aristizábal, Javier Romero,
María Alejandra Viviescas, Álvaro Villalba*

**Adentrándonos en la inmunopatogénesis del virus
chikunguña: cuando la inmunidad antiviral impulsa la
inflamación crónica -funciones clave de la dinámica
monocito-macrófago y el eje IFN- π /IL-27. 112**

*Juan Felipe Valdés-López, Yordi Sebastián Tamayo-Molina,
Lady Johana Hernández-Sarmiento, Paula A. Velilla,
and Silvio Urcuqui-Inchima*

**Evaluación de los cannabinoides como posibles
antivirales e inmunomoduladores contra la infección
por el virus Mayaro en macrófagos humanos: análisis
transcriptómico e in vitro de las respuestas inflamatorias,
antivirales y de estrés del RE. 114**

*Lady Johana Hernández-Sarmiento, Juan Felipe Valdés-López,
Silvio Urcuqui-Inchima*

A Critical Analysis of the Trends in Low Measles-Containing-Caccine First- and Second Dose (MCV1 & 2) Immunization Coverage among 1-Year-Olds in Venezuela, 2009-2024 116

Alfonso J. Rodriguez-Morales, Jaime A. Cardona-Ospina, Maria Alejandra Avila-Tangarife, Carmen Rosa Salazar-Ledesma, Maria Paula Cedeño, Mely Alexandra Olarte-Durand, Deicy Mariana Soto-Ramírez, Domenica Acevedo, Thomas Malavet, Valeria Marmolejo, Rima Moghnieh, Rola Husni, German Camacho-Moreno, Carlos Torres-Martinez, Jose Brea, Jorge Luis Bonilla-Aldana, D. Katterine Bonilla-Aldana, Rolando Ulloa-Gutierrez

Investigación del potencial rol de Culicoides spp. en la transmisión del virus Oropouche en Puerto Carreño, Colombia 119

Cristian Javier Salcedo-Amórtégui, Santiago García-Guzman, Eliana Calvo-Tapiero, Jaime Castellanos-Parra, Juan Sebastián Mantilla-Granados

Inhibición de la actividad transcripcional del virus de la hepatitis B mediante tecnología CRISPR/dCas9 dirigida a un blanco de cccDNA recombinante 121

Fabián Cortés-Mancera, Patryck Jellema, María-Cristina Navas, Marianne Rots

Diseño y evaluación *in silico* de miRNAs con potencial para inducir silenciamiento postranscripcional del gen Rep (ORF1) en circovirus porcino tipo 2 (PCV2) 123

Andrés Felipe Guerra-Rodríguez, Edwin F. Sánchez-López, Adis Ayala-Fajardo

Producción de una proteína recombinante de interés farmacéutico derivada del virus del síndrome reproductivo y respiratorio porcino (PRRSV) 125

Daniel Felipe Flórez Burbano, Adis Ayala Fajardo, Jairo Jaime, Diana S. Vargas-Bermúdez, Edwin F Sánchez López

Obtención y caracterización de una proteína recombinante de la cápside del parvovirus porcino 5 (PPV5) unida a la proteína HSP 90.3 de *Nicotiana benthamiana* como carrier 127

Juan S. Rodríguez Pachón, Adís Ayala Fajardo, Jairo Jaime, Diana S. Vargas-Bermúdez, Edwin F. Sánchez López

Síntesis de una proteína recombinante para la detección serológica del circovirus porcino tipo 2 (PCV2) 129

Fabián L. Sánchez López, Jairo Jaime, Diana S. Vargas-Bermúdez, Adís Ayala Fajardo, Edwin F. Sánchez López

Acción antiviral in vitro de un extracto de *Capsicum chinense* contra tres arbovirus de importancia en salud pública 131

Angélica Bonilla-Porras, Natalia Pérez-Mateus, Luisa Fernanda Rojas, Marlen Martínez-Gutiérrez

Efecto inhibidor de un extracto de *Curcuma longa* sobre la infección por virus chikungunya en células Vero 133

Angélica Bonilla-Porras, Natalia Pérez-Mateus, Luisa Fernanda Rojas, Carlos Torres, Marlen Martínez-Gutiérrez

Evaluación de la exposición reciente a Arbovirus en donantes de sangre residentes en cuatro zonas geográficas de Colombia 135

Carolina Coronel-Ruiz, Brian Alejandro Cáceres Munar, Laura Riascos Orjuela, Jhan Arturo, William Perez, Catalina Ibáñez, Adriana Urbina, Ayda Rodríguez, Tatiana Ortiz, Celia Alvarado, Luisa Fernanda Ospina, Karen Granados, Olga Lucía Fernandez, Iris Flórez, Claudia Santa Ríos, Yormary Robayo, Eliana Calvo, Félix Delgado, Jaime Castellanos

**Caracterización y dinámica de interacción de
cepa autóctona de Uruguay del virus del dengue tipo 2
(DENV-2) con receptores celulares mediante una
aproximación *in silico* 137**

*Florencia Cancela, Santiago Rendon-Marin, Natalia Goñi,
Santiago Mirazo*

**Markers of Inflammation, Tissue Damage, and Fibrosis
in Individuals Diagnosed with Human Immunodeficiency
Virus and Pneumonia: A Cohort Study 139**

*Katherine Peña-Valencia, Will Riaño, Mariana Herrera-Díaz,
Lucelly López, Diana Marín, Sandra Gonzalez, Olga Agudelo-García,
Iván Arturo Rodríguez-Sabogal, Lázaro Vélez, Zulma Vanessa Rueda,
Yoav Keynan*

**Detección molecular (qPCR) de Pan-Coronavirus y
Pan-Paramixovirus en muestras de guano de dos
comunidades de murciélagos en Cañasgordas (Antioquia)
y Norcasia (Caldas) 141**

Cristina Úsuga-Monroy, Juanita Barrera-Vargas, Daisy A. Gómez-Ruiz

**Detección de la infección por DENV y ZIKV en mujeres
embarazadas y complicaciones materno-fetales: una
revisión sistemática con metaanálisis 143**

*Santiago A. Franco-Aguirre, Mariana Hurtado-Pinillos,
María C. Puerta Arias, Julián Ruiz Sáenz, Marlen Martínez-Gutiérrez,
Jaime A. Cardona-Ospina*

**Efecto antiviral de extractos de café en un modelo *in vitro*
de infección por virus dengue y análisis *in silico* 145**

*Gustavo Gaitán Veloza, Vanessa Loaiza Cano, Luisa Fernanda Rojas,
Marlen Martínez Gutiérrez*

Desempeño de pruebas rápidas y de ELISA en el diagnóstico de infección por rotavirus en menores de 5 años con diarrea: revisión sistemática de la literatura y metaanálisis. 147

*Sergio Iván García, Santiago Rendon-Marín,
Marlén Martínez Gutiérrez, Julián Ruiz Sáenz*

Caracterización metatranscriptómica del viroma asociado al síndrome febril agudo en comunidades indígenas wayúu de la sabana de Manaure, en La Guajira (Colombia). 149

*Beatriz Elena De Arco-Rodríguez, Jhindy Tatiana Pérez-Lozada,
Katherine Laiton-Donato, Dioselina Peláez-Carvajal,
Gloria Mercedes Puerto-Castro, Diego A. Álvarez-Díaz*

Metapneumovirus aviar en Colombia: evidencia molecular como un llamado a reforzar la vigilancia diagnóstica 151

*Camila Daza-León, Magda Yoana Beltrán León, Arlen P. Gómez,
Gloria Consuelo Ramirez-Nieto*

Lung Microbiota and Pulmonary Function in People with HIV and/or Pneumonia: An Exploratory Study 153

*Katherine Peña-Valencia, Juan Pablo Isaza, Michael Becker,
Breanne M. Head, Lucelly López, Jhonatan Peña-Valencia,
Iván Rodríguez, Diana Marín, Lázaro Vélez, Zulma Vanessa Rueda,
Yoav Keynan*

Identificación de virus en cultivos de tomate de Colombia mediante Secuenciación de Nueva Generación (NGS) 155

*Juliana Sánchez Yalí, Lina María Gómez Cardona,
Jhoan David Salazar Noreña, Karina Andrea Ardila Pulgarín,
Pablo Andrés Gutiérrez Sánchez, Mauricio Marín Montoya*

***Pintomyia evansi* como potencial vector de flebovirus del complejo aguacate en zonas urbanas del municipio de Sincelejo (Sucre) 157**

Alexander Javier Bedoya-Polo, Luis Roberto Romero-Ricardo, Luis Enrique Paternina Gómez

Detección de virus potencialmente zoonóticos en murciélagos de ecosistemas disturbados del departamento del Quindío, y modelamiento de distribución de riesgo para la región de los Andes (Colombia) 159

Juranny Milena Astorquiza O., Leonardo Padilla, Luz Helena Patiño

Potencial antiviral del compuesto abietano C126 frente a SARS-CoV-2: inhibición de etapas tempranas y efecto virucida 161

Vanessa Loaiza-Cano, Liliana Betancur-Galvis, Miguel Ángel Gonzalez-Cardenete, Marlen Martinez-Gutierrez

Detección de *Tobamovirus fructirugosum* (Tomato brown rugose fruit virus - ToBRFV) en cultivos y semillas de tomate en 12 departamentos de Colombia 163

Juliana Sánchez Yalí, María Fernanda Coronado Díaz, Jerónimo Marulanda Pulgarín, Pablo Andrés Gutiérrez Sánchez, Mauricio Marín Montoya

Análisis del viroma de frutos de pimentón (*Capsicum annuum*) en Antioquia (Colombia) 165

Yiseth Fajardo Torrado, Jerónimo Marulanda Pulgarín, Juliana Sánchez Yalí, Karina Andrea Ardila Pulgarin, Pablo Andrés Gutiérrez Sánchez, Mauricio Marín Montoya

**Composición de la comunidad viral en la cuenca alta del
río Chicamocha: estudio exploratorio 167**

*Laura J. Hernandez-Zambrano, Daniel López-Puentes,
Sindy P. Buitrago, Diego Garzón-Ospina*

**Epidemia de enfermedad de manos, pies y boca en
población general, Colombia, 2025 169**

*Erika Ximena Ospitia Báez, Eliana Mendoza Niño,
Lina Yessenia Lozano Lesmes, Hernán Quijada Bonilla*

**Variables climáticas y resurgimiento de la
encefalitis equina del este y venezolana en equinos,
Colombia 2005-2024 171**

*Daniela Paternina, Rene Herazo, Misael Oviedo, Teresa Oviedo,
Ricardo Rivero, Salim Mattar*

Fiebre amarilla iterativa 173

*Diana Catalina Ramírez-Reyes, Juan Diego Melo-Pedraza,
Jeison Andrés Morales-Olivera, Julián Fernando Celis-Guzmán,
Henry Robayo-Amortegui, Álex Julián Forero-Delgadillo*

**Citocinas proinflamatorias y efluviio telógeno en pacientes
post-COVID-19 de la Sierra Nevada de Santa Marta (Colombia) . . 175**

*Manuel K. Molina, Juan C. Dib, Stacey Schultz-Cherry, Luis D. Germán,
Kendall Whitt, María Paz Martinez, Tatiana Diaz, Isabella Vasquez*

**Efecto diferencial de partículas infecciosas e inactivadas
de SARS-CoV-2 en la activación de la vía NF-κB en
cultivos de monocitos, línea celular U937 177**

*Sara Carmona Aguirre, Camilo Trujillo Lugo,
Johanna C. Arroyave-Ospina, Sharon Penagos,
Wbeimar Aguilar-Jiménez, Silvio Urcuqui-Inchima,
María-Cristina Navas*

Diferentes orthoflavivirus producen sfRNA que promueve la transmisión viral al inhibir la respuesta interferón 179

Idalba Serrato-Pomar, Hacène Medkour, Louise Belleville, Kachaporn Jintana, Lauryne Pruvost, Norman Schneider, Mihra Tavadia, Jim Zoladek, Florian Rachenne, Zoé Roux, Quentin Narpon, Felix Rey-Cadilhac, Solena Rossi, Stephanie French, Cassandra Modahl, Wannapa Sornjai, Elliott Miot, Duncan Smith, Rodolphe Hamel, Oleg Medianikov, Dorothée Missé, Sébastien Nisole, Julien Pompon

Prevalencia del parvovirus canino tipo 2 (CPV-2) en perros domésticos infectados en diferentes ciudades de Colombia, 2023-2024 181

Leydi D Cano, Andrés Rosales, Juan C Martínez, Jorge E Forero, Carolina Ríos-Usuga, Lina M Rendón-Ramos, Ingrid L Jaramillo-Delgado

Prevalencia de la infección por coronavirus canino y sus factores asociados en tres ciudades de Colombia, 2019-2024 . . . 183

Sara Gómez-Arcila, Juan P. Núñez-Mejía, Maykel A. Ramírez-Córdoba, Jorge E. Forero-Duarte, Carolina Ríos-Usuga, Lina M. Rendón-Ramos, Ingrid L. Jaramillo-Delgado

Prevalencia y factores asociados a adenovirus canino tipo 2 en Colombia, entre 2023-2024 185

María de los Ángeles Villa-Gaviria, Juan Camilo Díaz-Arboleda, Jorge Eduardo Forero-Duarte

Efecto inmunomodulador de la vitamina D en la tormenta de citocinas inducida por SARS-CoV-2 en monocitos y macrófagos humanos. 187

Juan Felipe Valdés-López, Diana di Filippo, Sharon Penagos, Lady Johanna Hernández, Johanna C. Arroyave-Ospina, Mauricio Rojas, Silvio Urcuqui-Inchima, Wbeimar Aguilar-Jiménez, María-Cristina Navas

Vigilancia genómica mediante secuenciación de siguiente generación y análisis bioinformático del virus SARS-CoV-2 en Ecuador desde 2023 en el Instituto Nacional en Salud Pública “Leopoldo Izquieta Pérez” 189

Génesis García-Díaz, Diana Gutiérrez-Pallo, Gabriela Echeverría-Garcés, Byron Fuertes-Flórez, Camila Lara-Cazorla, Andrés Carrasco-Montalvo

Análisis *in silico* de unión a HLA de péptidos derivados de retrovirus endógenos humanos (HERV) modulados por el estado serológico en artritis reumatoide 191

Tulio J. Lopera, Santiago Rendón-Marín, Julieta M. Mejía, Geysson Fernández, Daniel Rodríguez, Juan C. Díaz, Mauricio Rojas, Diana Castaño

Cribado virtual, *docking* y dinámica molecular de moléculas de origen natural contra los serotipos del virus del dengue 193

Belcy Liliana Mendoza-Quintana, Jesús Tadeo Olivero-Verbel, Jairo Mercado-Camargo

Análisis transcriptómico de fagocitos mononucleares infectados por el virus Ébola: efecto en la tormenta de citoquinas y la respuesta antiviral 195

Carlos Mario Aristizábal Noreña, Silvio Urcuqui-Inchima, Juan Felipe Valdés-López

Leucoencefalopatía multifocal progresiva, una presentación radiológica atípica: a propósito de un caso 197

Luis Adolfo Collazos-Torres, Jhoan Esteban Gómez, María Virginia Nope, Miguel Ángel Betancourt, Luis Felipe Calvo-Torres, Andrés Felipe Parra-Varela, Alexander Salinas-Cesar

**Neuroprotección mediada por vesículas extracelulares:
una estrategia celular frente al daño inducido por el ZIKV
en neuronas corticales 199**

*María Angélica Calderón-Peláez, Myriam L. Velandia-Romero,
Jaime E. Castellanos*

**Epidemiología genómica del dengue 2 y 3: introducciones
y exportaciones de linajes en Colombia 201**

*Jorge Miranda, Ricardo Rivero, Vaneza Tique-Salleg,
Daniel Echeverri-De la Hoz, Lambodhar Damodaran,
Daniela Paternina, Mauricio Santos-Vega, Daniela Torres,
Diana Davalos, Eduardo Lopez-Medina, Mallery I. Breban,
German Arrieta, Verity Hill, Nathan D. Grubaugh, Salim Mattar*

**Sarcoma de Kaposi gastrointestinal y cutáneo en paciente
joven con infección por VIH avanzada: reporte de caso 203**

Sandra Herrera, Edwin Cañate

**Modelo epidemiológico de dispersión viral en cultivos
de *Physalis peruviana* L. y otras solanáceas en
Antioquia (Colombia) 205**

*Mónica Higueta, Christian Jimenez, Juliana Sánchez-Yalí,
Alejandra Pérez, María Clara Zuluaga, Pablo Gutiérrez*

**Estandarización y validación de un modelo bioinformático
para el análisis de interacciones entre VPg–eIF4E en potyvirus . . 207**

*Alejandra Pérez, Juliana Sánchez-Yalí,
Sarita Quintero, Mónica Higueta, Pablo Gutiérrez*

**Determinantes estructurales en derivados diclorados
de L-tirosina: metilaciones que definen la actividad y
mecanismo antiviral *in vitro* frente a CHIKV 209**

*Vanessa Loaiza-Cano, Daniel Pardo-Rodríguez,
María José Santander Zárate, Manuel Restrepo, Elkin Galeano,
Mónica Patricia Cala Molina, Marlén Martínez-Gutiérrez*

Impacto de la evolución antigénica inadvertida del virus de influenza A en cerdos de Colombia sobre la capacidad diagnóstica y la preparación para una pandemia 211

*Andrés F. Ospina-Jiménez, María A. Rincón-Monroy,
Gloria C. Ramírez-Nieto*

Cambios en la frecuencia de colonización y/o enfermedad por *Pneumocystis jirovecii* en personas que viven con VIH y/o neumonía 213

*Liliana López-Manjarres, Katherine Peña-Valencia, Will Anderson Riaño,
Mariana Herrera, Angela Copete, Diana Marín, Lucelly López,
Beatriz Salazar, Olga Agudelo, Tania Pérez, Yoav Keynan,
Zulma Vanessa Rueda*

Desarrollo de una PCR múltiplex para la detección de virus respiratorios 215

*Laura Riascos Orjuela, Carolina Coronel Ruiz,
Leydi Johana Madroñero, Nuri Merchán Castellanos,
Sonia del Pilar Bohórquez Ávila, Germán Camacho Moreno,
Jaime E. Castellanos, Eliana Patricia Calvo Tapiero*

Desarrollo de un ensayo híbrido (RT-PCR anidado en tiempo real) para la detección de virus dengue. 217

*Anamaría Muñoz Sandoval, Luis Alejandro Ramírez Rodríguez,
Jaime E. Castellanos, Eliana Calvo T*

Análisis epidemiológico de las infecciones por arbovirus en donantes de sangre y su relación con los casos notificados en el sistema de vigilancia epidemiológica en 2024 en cuatro regiones geográficas de Colombia 219

William Alexander Pérez-Mancipe, Valentina Hernández-Loaiza, Laura Camila Suárez-Nova, Brian Alejandro Cáceres, Laura Riascos Orjuela, Jhann Andrés Arturo, Catalina Ibáñez Galvis, Adriana del Pilar Urbina, Ayda Nubia Rodríguez, Tatiana Ortiz C., Celia Alvarado, Leany Rojas Sarariego, Luisa Fernanda Ospina, Karen Granados Ortégón, Olga Lucía Fernández, Iris Flórez Coronel, Claudia Patricia Santa Ríos, Yormary Robayo, Eliana Calvo Tapiero, Félix Giovanni Delgado, Jaime E. Castellanos, Carolina Coronel-Ruiz

Dengue grave congénito: una entidad emergente dentro del espectro SCORTCH 221

Juan José Avendaño Contreras, Camila Andrea Pacheco Paredes, Fernando Mendoza Bula

Síndrome de desgaste como manifestación de infección por VIH: reporte de un caso 223

Juan José Avendaño Contreras, Camila Andrea Pacheco Paredes, Andrea Cristina Restrepo Hincapié, Fernando Mendoza Bula

VIH y oportunistas silenciosos: un triple desafío diagnóstico . . . 225

Juan José Avendaño Contreras, Camila Andrea Pacheco Paredes, Fernando Mendoza Bula

Metatranscriptómica aplicada a la identificación de virus en especies de culícidos en las regiones de Amazonas y Cesar en Colombia. 227

Daniel Fernando Largo, Harold David Gómez, Giovan F. Gómez, Howard Junca, Gloria E. Cadavid, Rafael J. Vivero Gómez, Claudia X. Moreno Herrera

Análisis filodinámico y filogeográfico del virus de la hepatitis C en usuarios de drogas inyectables 1998 - 2023 229

María C. López-Osorio, Andrés Cardona, Manuela Aristizábal Valencia, Santiago Alvarez-Cardenas, Diana di Filippo, Dedsy Berbesi-Fernández, Gonzalo Barreto, María-Cristina Navas

Evaluación de la activación de la vía ERK1/2 en monocitos U937 estimulados con partículas inactivadas de SARS-CoV-2 y modulada por vitamina D. 231

Sharon Penagos, Angélica Londoño, Johanna C. Arroyave-Ospina, Silvio Urcuqui-Inchima, Wbeimar Aguilar-Jiménez, María-Cristina Navas

Caracterización de la capacidad infecciosa y adsorción del virus chikungunya en hemocomponentes almacenados 233

Brian Alejandro Cáceres Munar, Carolina Coronel-Ruiz, Valentina Hernández Loaiza, Mariana Peñaloza, Adriana Urbina, Ayda Rodríguez, Eliana Calvo, Félix Delgado, Jaime Castellanos

Síndrome de dengue ampliado en paciente pediátrico con presentación de complicaciones cardíacas, hematológicas, hepáticas, neurológicas y renales 235

Michael Muñoz Rosa, Keidy Luna Ramírez, Ana Suescún Antequera, Juan José Avendaño Contreras, Angélica Lucía Pantoja Espinosa, Hernando Samuel Pinzón Redondo

Cuantificación de títulos de anticuerpos neutralizantes contra fiebre amarilla mediante un ensayo de microneutralización 237

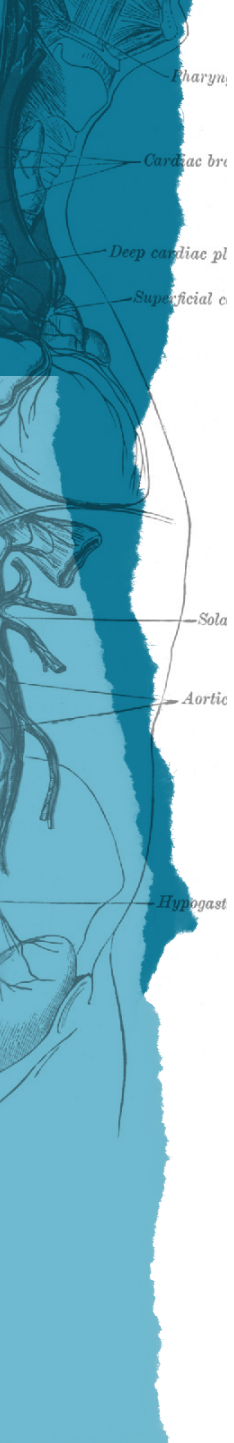
Brian Alejandro Cáceres, Jorge Luis Bonilla-Aldana, Isabel Sandoval, Carolina Coronel-Ruiz, Félix Delgado, Jaime Castellanos

Caracterización del viroma de *Spodoptera frugiperda* (biotipo maíz) mediante RNA-seq para la búsqueda de agentes con potencial en biocontrol 239

Natalia López Rivera, Anny J. Yepes-Acevedo, Carolina Montoya-Ruiz, Clara Saldamando, Claudia Ximena Moreno Herrera

Estrategia de vigilancia por laboratorio de la fiebre amarilla en Colombia: experiencias del brote 2024-2025 241

*Lisethe Carolina Pardo Herrera, Mayra Alejandra Porras Gutiérrez,
Adriana Marcela Rodríguez Paz, Giselle Carolina Clavijo Yate,
Maria Fernanda Bustamante Restrepo, Claudia Lizeth Cetina Baraja,
Nieves Johana Agudelo Chivata, Martha Stella Ayala Sotelo,
Sergio Yebrail Gómez Rangel*



Presentación

Este número especial de la revista Salud Uninorte es el resultado de la actividad de las investigaciones que se sometieron a evaluación en el marco del XI Simposio Colombiano & VII Congreso Latinoamericano de Virología, el evento académico insignia de la Asociación Colombiana de Virología, de los virólogos en Colombia y demás profesionales interesados en la virología, que en esta edición fue organizado por la Universidad del Norte.

En esta ocasión se presentan los resúmenes de 120 trabajos que de manera conjunta permiten resaltar el esfuerzo de los investigadores que desde las diversas áreas del campo de la virología han generado el conocimiento necesario que posibilita la toma de decisiones en salud pública, las aproximaciones diagnósticas, el uso de las ómicas en toda su dimensión, la aplicación de las nuevas estrategias que faciliten entender la dinámica y simulación de las moléculas que conforman las estructuras virales con el potencial de identificar nuevas dianas terapéuticas, el uso de los virus en la industria biotecnológica, entre algunas otras.

Cada uno de estos trabajos muestra la interdisciplinariedad entre las distintas áreas relacionadas con la virología. En algunas ocasiones fue difícil clasificar un trabajo, debido a que de manera simultánea se alimentaba de varios campos y, asimismo, contribuía a estos, lo que resalta la actividad de la dinámica actual: desde múltiples perspectivas se busca resolver un problema en particular o dar luces sobre el mismo.

Varios trabajos señalan la importancia de la óptica de One-Health al considerar los saltos entre especies y la afectación en seres humanos, como es el caso del virus de la influenza, o cómo los murciélagos pueden ser fuente potencial de nuevas situaciones de riesgo en el caso de coronavirus y paramixovirus.

Varios trabajos muestran las estrategias modernas que permiten hacer vigilancia y tomas de decisiones en salud pública, que han sido relevantes en el afrontamiento de virus emergentes y reemergentes como es el caso del virus de la fiebre amarilla y del virus del Oropouche. Incluso con algunas infecciones virales que se han transmitido en Colombia desde hace algún tiempo, como es el caso de la influenza o dengue. Estas estrategias modernas usan la epidemiología molecular y genómica para hacer un seguimiento de la dinámica de transmisión de estos virus en forma precisa, y así instruir cómo abordar el manejo de los respectivos brotes.

Algunos trabajos muestran los mecanismos patogénicos que surgen desde el mismo momento de la infección y cómo los virus secuestran la maquinaria celular, así como los disturbios que se generan en la célula, el organismo y la respuesta de este a la infección. Cada uno de estos trabajos se aproxima al proceso desde una mirada global, incluso desde las ómicas.

Otros trabajos resaltan el cada vez más importante campo de la virología estructural, que permite determinar la manera en que pequeñas moléculas afectan la evolución de los virus y el potencial de cómo afectan su ciclo de replicación.

Para este evento, el comité científico contó con la colaboración de la Asociación Colombiana de Infectología (ACIN), capítulo Caribe; se coordinó la recepción de trabajos en virología clínica, campo que había estado ausente en eventos y simposios de virología organizados por la Asociación Colombiana de Virología (ACV). Estos trabajos dan ejemplo de las distintas manifestaciones clínicas que surgen durante la infección en variados contextos del ser humano, sea en salud precedente o en condición inmunodeficiente.

Así, este número especial de la revista Salud Uninorte muestra los esfuerzos de los investigadores que desde las distintas instancias en nuestro país contribuyen a la comprensión integral y global de los virus.

Atentamente,



Homero Gabriel San Juan Vergara, Ph.D.
Presidente Comité Organizador
hsanjuan@uninorte.edu.co
simposio_virologia@uninorte.edu.co



Jorge Andrés Castillo Ramírez, Ph.D.
Presidente Asociación Colombiana de Virología
jandrescastillo@javeriana.edu.co
secretaria.virologia@gmail.com



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

ÁREA TEMÁTICA: Virus de plantas

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.745.698>

ACV-2025-001

Revelando el papel del gen AGO4 frente al virus de la hoja blanca del arroz: de la transformación a la estructura proteica

JHOJAN NAÑEZ¹, SANDRA VALDES¹, MARIBEL CRUZ-GALLEGO^{1,2},
CAMILA REBOLLEDO^{1,3}, MATHIAS LORIEUX³, MARIA FERNANDA ALVAREZ¹,
PAUL CHAVARRIAGA¹

¹ Departamento de Biotecnología, Plataforma de Edición Genética, Alianza Bioversity International - Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Palmira (Colombia).

² FLAR: Fondo Latinoamericano para Arroz de Riego, Palmira (Colombia).

³ OMICAS, Pontificia Universidad Javeriana, Cali (Colombia).

Correspondencia: Jhojan Smith Nañez Varela. j.nanez@cgiar.org

RESUMEN

Introducción: El virus de la hoja blanca del arroz (RHBV), transmitido por el insecto vector *Tagosodes orizicolus*, representa una amenaza significativa para el cultivo del arroz.

Métodos: Utilizamos la tecnología CRISPR/Cas9 para producir mutaciones específicas en el gen AGO4 de *Oryza sativa*, utilizando la variedad Fedearroz 2000, con el objetivo de dilucidar la participación del gen en la resistencia a RHBV.

Resultados: Obtuvimos 14 plantas editadas que presentaron deleciones de uno, dos y tres nucleótidos en la secuencia del exón 23 del gen AGO4. Las evaluaciones fenotípicas mostraron un aumento en la susceptibilidad a RHBV en las líneas editadas. Identificamos la presencia de RHBV en el tejido foliar de plantas infectadas mediante la amplificación de los genes de la nucleoproteína, NS3 y NS4 del virus. Mediante RT-qPCR analizamos los patrones de expresión del gen AGO4, lo cual mostró que, en las líneas editadas, los perfiles de expresión son similares al control susceptible. Además, el modelado de la estructura terciaria de la proteína AGO4 y su variante mutante demostró cambios en el dominio PIWI y la presencia de la tríada catalítica DDH, lo que confirma su papel en la mediación de la resistencia al RHBV.

Conclusiones: Nuestro estudio revela la importancia funcional del gen AGO4 del arroz en la resistencia al RHBV.

Palabras clave: *Oryza sativa*, Tenuivirus, Alphafold2, proteína argonauta, CRISPR/Cas9.



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

ÁREA TEMÁTICA: Evolución viral

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.745.699>

ACV-2025-003

Análisis filogenético del virus de la rabia en mamíferos domésticos y silvestres del Estado de São Paulo (Brasil)

DIANA CAROLINA MARTÍNEZ MARTÍNEZ¹, NELSON FERNANDO SANTANA CLAVIJO¹,
GUIDO ALBERTO KÖNIG^{2,3}, PAULO EDUARDO BRANDÃO², BÁRBARA A. RIBEIRO PILÃO⁴

¹ Universidad de Ciencias Aplicadas e Ambientales (UDCA), Programa de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias Agrarias, Bogotá (Colombia).

² Departamento de Medicina Veterinária Preventiva e Saúde Animal, Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade de São Paulo, São Paulo, SP 05508-270 (Brasil).

³ Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABiMo), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Consejo Nacional de Investigación Científica y Técnica (CONICET), Hurlingham, Buenos Aires (Argentina).

⁴ Centro de Reabilitação de Animais Silvestres - CRAS Núcleo da Floresta São Roque, SP. (Brasil).

Correspondencia: Nelson Fernando Santana Clavijo. nsantana@udca.edu.co

RESUMEN

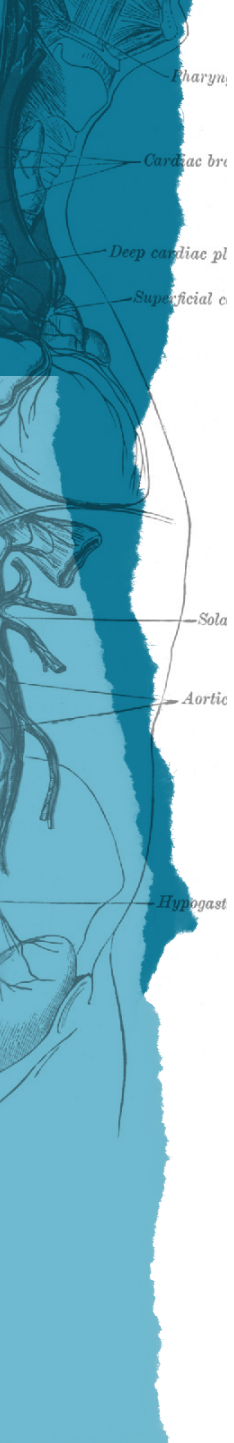
Introducción: El virus de la rabia (RABV) es una zoonosis letal con un impacto significativo en la salud pública y veterinaria. En Brasil, los murciélagos, especialmente *Desmodus rotundus*, son los principales reservorios en zonas rurales.

Métodos: Este estudio analizó cuatro muestras de *Capra hircus* (2), *Equus caballus* (1) y *Tapirus terrestris* (1), lo cual confirmó la presencia del virus mediante inmunofluorescencia directa (DIF) y RT-PCR, que amplificó un fragmento de 264 pb del gen de la nucleoproteína.

Resultados: El análisis filogenético identificó tres clados principales. Las muestras se agruparon en el Grupo A, con secuencias de *Desmodus rotundus*, *Artibeus lituratus* y *Eptesicus furinalis*, asociadas con la variante AgV3 (bootstrap >90%) y muestras de perros infectados. El clado B incluyó aislamientos históricos de perros con AgV2, actualmente erradicado en Brasil. El clado C agrupó primates (*Callithrix jacchus*) y casos humanos en Ceará. El alineamiento de nucleoproteínas mostró regiones conservadas y variaciones en la región intergénica N-P.

Conclusiones: Los resultados confirman que los murciélagos siguen siendo los principales reservorios del virus de la rabia en São Paulo, siendo el AgV3 la variante predominante, lo que resalta la necesidad de una vigilancia epidemiológica continua.

Palabras clave: virus de la rabia, zoonosis, diagnóstico molecular, murciélagos, filogenética, RT-PCR.



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

ÁREA TEMÁTICA: Arbovirus.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.745.700>

ACV-2025-005

Establecimiento de un modelo de infección in vitro, con los cuatro serotipos del virus del dengue, mediado por el mecanismo de potenciación dependiente de anticuerpos

JORGE ENRIQUE LÓPEZ DUBON¹

¹ Estudiante de doctorado en Microbiología, Universidad de Antioquía (Colombia).

Correspondencia: Jorge Enrique López Dubon. jorge.lopezd@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: El virus del dengue (DENV) es el arbovirus con mayor impacto para la salud pública mundial. Durante la infección primaria por DENV se generan anticuerpos que pueden favorecer la infección secundaria por un serotipo heterólogo, a través de un mecanismo de infección mediado por anticuerpos (ADE), el cual se caracteriza por potenciar la entrada, la replicación viral y una respuesta inmune exacerbada que incrementa la producción de citoquinas y mediadores inflamatorios, asociados con el desarrollo de las formas graves de la enfermedad. Así, este estudio busca establecer un modelo *in vitro* de infección con los cuatro serotipos DENV, mediado por el mecanismo de potenciación dependiente de anticuerpos.

Métodos: Se realizó una curva de crecimiento con células VERO y U937 infectadas con cada serotipo de DENV a una multiplicidad de infección (MOI, por sus siglas en inglés) de 1; y a las 24, 48, 72 y 96 horas posinfección (hpi) se recolectaron sobrenadantes para cuantificar partículas virales infecciosas (PVI) por técnica de plaqueo. Adicionalmente, se evaluó el efecto citopático (ECP) de DENV en ambas líneas celulares luego de 96 hpi, por la técnica de MTT. Para el modelo de infección DENV-ADE se realizaron mezclas virus: anticuerpos monoclonales serotipo específicos, las cuales fueron inoculadas sobre las células U937 y a las 48 h se recolectaron sobrenadantes para la cuantificación de PVI. Las monocapas celulares se usaron para determinar copias genómicas virales mediante RT-qPCR y proteína viral por CELL-ELISA. La respuesta inmune a la infección se evaluó determinando la expresión de citoquinas, mediante cuantificación relativa por RT-qPCR.

Resultados: Los resultados demostraron que el ECP de los cuatro serotipos fue mayor al 50 % en células VERO, en cambio, en células U937 solo los serotipos DENV-3 y 4 causaron daño celular (<20 %) hasta las 96 hpi. La actividad replicativa de DENV-1 y DENV-4 fue similar en ambas líneas celulares, evidenciando mayor producción de PVI a las 96 hpi. El serotipo DENV-2 presentó su mayor replicación a las 72 hpi en células VERO y a las 96 hpi en células U937. Por su parte, la mayor actividad replicativa para DENV-3 se obtuvo a las 72 hpi, tanto en células VERO como en U937. En los cultivos infectados con las mezclas virus-anticuerpos, la presencia de anticuerpos anti-DENV heterotípicos potenció la producción de PVI en los serotipos DENV-1 y DENV-2. Sin embargo, los anticuerpos anti-DENV-2 neutralizaron la infección por los cuatro serotipos. La cuantificación relativa de citoquinas reveló que en la infección por DENV-2 mediada por anticuerpos, la expresión génica de IL-6 se incrementó de una forma proporcional a la producción de PVI. Por el contrario, la expresión de TNF- α no presentó diferencias significativas entre la infección primaria y secundaria por DENV.

Conclusiones: La infección por DENV fue diferente entre cada uno de los cuatro serotipos. El efecto citopático fue mayor en células VERO en comparación con las U937, y la actividad replicativa mostró diferencias significativas entre los serotipos y las líneas celulares evaluadas. En la infección secundaria mediada por anticuerpos, únicamente los serotipos DENV-1 y DENV-2 potenciaron la producción de PVI en presencia de anticuerpos heterotípicos. Además, se encontró un incremento en la expresión de IL-6 en la infección ADE-DENV-2.

Palabras clave: dengue virus, anticuerpos, serotipos, ADE.

ÁREA TEMÁTICA: Marcadores de infección viral.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.745.701>

ACV-2025-006

Validación de la genotipificación del virus del papiloma humano mediante secuenciación de Oxford Nanopore en tejidos fijados en formol e incluidos en parafina y en muestras anales y ginecológicas en medio ThinPrep

CAROLINA HERNANDEZ¹, LUZ H. PATIÑO^{1,2}, MILENA CAMARGO^{1,3},
CHING YI WANG¹, FENG CHEN¹, BERNADETTE LIGGAYU¹, LIYONG CAO¹,
CARLOS CORDON-CARDO¹, EMILIA M. SORDILLO¹, ALBERTO PANIZ-MONDOLFI¹ Y
JUAN D. RAMÍREZ^{1,2}

¹ Department of Pathology, Molecular and Cell-Based Medicine, Icahn School of Medicine at Mount Sinai, New York (New York).

² Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología-UR, Escuela de Ciencias e Ingeniería, Universidad del Rosario, Bogotá (Colombia).

³ Centro de Tecnología en Salud, Innovaseq SAS, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Juan D. Ramírez. juand.ramirez@urosario.edu.co

RESUMEN

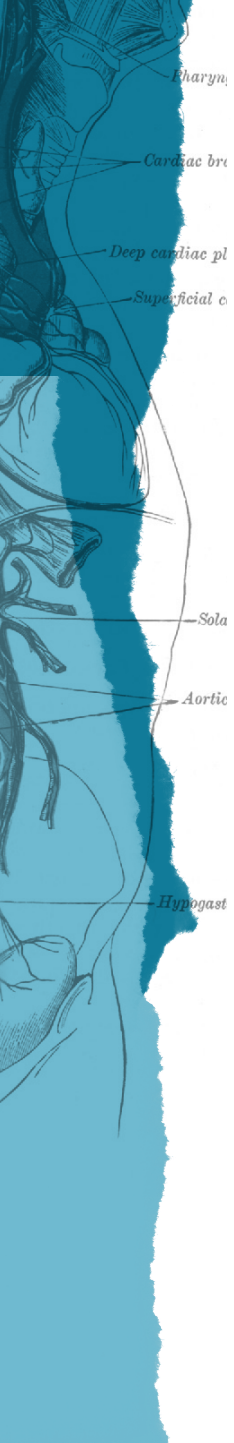
Introducción: El virus del papiloma humano (VPH) está implicado en varios tipos de cáncer, incluidos los de cuello uterino, anal y de cabeza y cuello. Los métodos convencionales de genotipificación y las plataformas comerciales se centran en genotipos de alto riesgo en muestras ginecológicas, limitando su uso en otros contextos clínicos. Debido a los cambios en la epidemiología del VPH y su creciente implicación en otros sitios anatómicos, se requieren estrategias más sensibles y versátiles para su detección y caracterización en una variedad de tipos de muestra.

Métodos: Este estudio tuvo como objetivo validar una técnica de secuenciación basada en amplicones utilizando la plataforma Oxford Nanopore Technologies (ONT) para la detección y genotipificación del VPH en un total de 181 muestras clínicas. Las muestras incluyeron tejidos de cabeza y cuello fijados en formol e incluidos en parafina (FFPE), así como citologías en medio líquido de origen anal y ginecológico. La secuenciación de Sanger se utilizó como método de referencia para evaluar la precisión del método.

Resultados: La metodología basada en ONT demostró una alta sensibilidad, con un límite de detección de 1 copia/uL para los genotipos VPH16/VPH18. Se observó una concordancia perfecta en la detección del virus en todos los tipos de muestra (coeficiente $k = 1.0$). La precisión de la genotipificación superó el 95 %, y en algunas muestras anales y ginecológicas, ONT identificó genotipos adicionales no detectados mediante secuenciación de Sanger. Además, el ensayo mostró una excelente reproducibilidad tanto en análisis intra- como inter- corrida.

Conclusiones: Este es el primer estudio que valida el uso de ONT para la genotipificación del VPH en muestras FFPE de cabeza y cuello. Los resultados respaldan el uso de esta plataforma como una alternativa rápida, precisa y rentable para la genotipificación del VPH en una amplia variedad de contextos clínicos, más allá del entorno ginecológico convencional.

Palabras clave: VPH, cáncer, secuenciación-ONT, límite de detección, sanger.



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

ÁREA TEMÁTICA: Virus de animales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.745.702>

ACV-2025-007

Caracterización epidemiológica y clínica de la infección por coronavirus felino (FCoV) en felinos domésticos de Bogotá y Medellín (Colombia)

LEIDY ALEJANDRA GIRALDO-MARTÍNEZ^{1,2}, ALIDA CAROLINA VALENCIA-GAFARO¹,
JUAN CAMILO ÁLVAREZ-DÍAZ¹, JORGE ANDRÉS CASTILLO-RAMÍREZ², CESAR ORLANDO
MUÑOZ-CADAVID¹

¹ Grupo de Investigación On Site Research, On Site Diagnostic SAS, Medellín (Colombia).

² Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Cesar Orlando Muñoz Cadavid. direccioncientifica@osdiagnostic.com

RESUMEN

Introducción: El coronavirus felino (FCoV) es un *Alfacoronavirus* frecuente en ambientes con alta densidad de felinos, y su infección puede ser asintomática o manifestarse con cuadros gastroentéricos leves. La peritonitis infecciosa felina (PIF) es una enfermedad grave, generada por mutaciones del FCoV que cambian el tropismo viral hacia macrófagos. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de infección por FCoV y describir las características clínicas y epidemiológicas de los felinos positivos a FCoV en Medellín y Bogotá.

Métodos: Se realizó un estudio retrospectivo en muestras remitidas al laboratorio On Site Diagnostic durante 2024 y 2025, en las ciudades de Medellín y Bogotá. El material genético se obtuvo por extracción automatizada y se amplificó mediante RT-qPCR un fragmento de 172 pb del gen que codifica para la proteína de nucleocápside, en cada muestra enviada de forma independiente (sangre, materia fecal, efusión, orina). El total de pacientes procesados fue de 586.

Resultados: Se obtuvo una frecuencia de positividad a FCoV de 9,8 % en Bogotá (47/479) y 12,1 % en Medellín (13/107). De los 60 felinos positivos, el 53,3 % eran machos y 46,7% hembras, con un promedio de edad de 27,7 meses. El 63,3 % fue sintomático, siendo el decaimiento (38,3 %), anemia (20%) y ascitis (15 %) los hallazgos más frecuentes. La anemia mostró asociación significativa con coinfecciones por hemotrópicos y FeLV (OR: 6.07; $p = 0.016$). La materia fecal presentó la mayor positividad (94,0 %). El 78,6 % de las efusiones resultaron positivas, lo cual se asoció directamente a PIF. La sangre mostró una baja tasa de detección (10,7%), sin embargo, puede ser una muestra útil en cuadros no efusivos.

Conclusiones: Estos hallazgos confirman que FCoV es un patógeno de relevancia en salud felina. La mayor afectación en individuos jóvenes y la alta proporción de animales sintomáticos resaltan el impacto clínico del virus, lo cual refuerza la necesidad de vigilancia continua.

Palabras clave: coronavirus felino, efusión, peritonitis infecciosa felina, RT-qPCR.

ÁREA TEMÁTICA: Antivirales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.745.703>

ACV-2025-008

Estudio de la actividad sinérgica antiviral de fármacos inhibitorios de la función de clivaje de la furina y la síntesis de ácidos grasos como potencial tratamiento contra el COVID-19

OLIVER VIERA-SEGURA¹, CARLOS ERNESTO MORA ORNELAS¹, CARLOS DANIEL DÍAZ PALOMERA², BRENDA SANDOVAL MARTÍNEZ¹, JOSÉ FRANCISCO MUÑOZ VALLE¹

¹ Instituto en Investigación en Ciencias Biomédicas, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara, Guadalajara, 44340, Jalisco (México).

² Laboratorio de Investigación en Cáncer e Infecciones, Departamento de Microbiología y Patología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara, Guadalajara (México).

Correspondencia: Oliver Viera-Segura. oliver.viera@academicos.udg.mx

RESUMEN

Introducción: La pandemia actual de SARS-CoV-2 subraya la urgencia de nuevos antivirales, especialmente ante la constante evolución genética del virus que dificulta el desarrollo de tratamientos duraderos. Una estrategia prometedora se centra en dianas celulares del huésped, como las proteasas (ej., furina) y las lipasas, que son invariables genéticamente y cruciales para la replicación viral. Diversos esfuerzos de reposicionamiento de fármacos han explorado moléculas para su uso en politerapias antivirales. Entre ellas destacan las tiazolidinedionas (TZD), la pirfenidona (PFD) y las tetrahidrolipstatinas. En este estudio se evaluó la actividad sinérgica antiviral de fármacos inhibitorios de la función de clivaje de la furina y la síntesis de ácidos grasos como potencial tratamiento contra el COVID-19.

Métodos: La metodología se desarrolló en etapas secuenciales y complementarias. Inicialmente, ensayos enzimáticos midieron la capacidad directa de las TZD para inhibir la actividad catalítica de la furina. Seguidamente, se determinó su eficacia antiviral *in vitro* contra SARS-CoV-2 y sus variantes, las cuales serán obtenidas por aislamiento *de novo* en células Vero-E6 y caracterizadas genéticamente mediante secuenciación de nueva generación.

Resultados: Los resultados mostraron que las TZD y la PFD inhibieron la infección por SARS-CoV-2 en todos los ensayos. Se observó una reducción significativa del ARN viral en los sobrenadantes a las 24, 48, 72 y 96 horas posinfección, con la mayor diferencia en la carga viral después de 96 horas. La PFD inhibió la infección con 50 TCID₅₀/ml, aunque el porcentaje de protección fue menor al aumentar el inóculo viral a 100 TCID₅₀/ml, con una disminución del ARN viral a las 72 horas. Aunque los fármacos inhibieron parcialmente la infección en DMEM, la actividad antiviral aumentó al 100 % de protección con DMSO como disolvente.

Conclusiones: Los resultados sugieren que los tres fármacos son candidatos terapéuticos potenciales para el tratamiento de COVID-19.

Palabras clave: COVID-19, tiazolidinedionas, furina, antiviral, ácidos grasos, reposicionamiento.

ÁREA TEMÁTICA: Respuesta inmune.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.745.704>

ACV-2025-010

El contacto con el dengue virus atenúa la gravedad de la enfermedad por COVID-19: evidencia de análisis serológicos y clínicos en una cohorte mexicana

OLIVER VIERA-SEGURA¹, EDGAR D. COPADO-VILLAGRANA², NORA A. FIERRO³

¹ Instituto en Investigación en Ciencias Biomédicas, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara, Guadalajara, 44340, Jalisco (México).

² Unidad de Medicina Familiar 5#, Instituto Mexicano del Seguro Social, Nogales, 84000, Sonora (México).

³ Departamento de Inmunología, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Mexico City, 04510, México.

Correspondencia: Nora A. Fierro, noraalma@iibiomedicas.unam.mx

RESUMEN

Introducción: La pandemia de SARS-CoV-2 constituyó un desafío en el que la comprensión de la dinámica huésped-virus resultó ser un elemento predictivo de la progresión de la enfermedad. En este contexto, la evidencia sugiere que la exposición a virus influye en la respuesta inmune a nuevos antígenos. En este estudio examinamos el impacto de la exposición a virus transmitidos por mosquitos (VTM) en la progresión de la COVID-19.

Métodos: Analizamos retrospectivamente los registros clínicos de 9.167 pacientes, de los cuales 9.013 fueron positivos para la infección por SARS-CoV-2, 118 fueron positivos previamente para VTM.

Resultados: El análisis multivariado reveló que la gravedad de la COVID-19 se vio afectada por la exposición a VTM. Nuestros resultados mostraron una reducción en el efecto negativo del número de síntomas durante el desarrollo de la COVID-19. Estos hallazgos coincidieron con los obtenidos del análisis de sueros de 80 pacientes, incluidos aquellos con COVID-19 y enfermedad leve o grave, y se agruparon según su exposición previa al DENV. Se identificó una mayor proporción de pacientes positivos para anticuerpos anti-RBD en el grupo de pacientes con COVID-19 leve con una infección previa por DENV (31 %) que en el grupo de pacientes no infectados con SARS-CoV-2 y con COVID-19 leve, quienes, en nuestro estudio, fueron negativos para la detección de anticuerpos anti-RBD.

Conclusiones: Colectivamente, nuestros resultados sugieren que el contacto con virus transmitidos por mosquitos reduce el umbral de la respuesta inmune, favoreciendo un resultado más favorable durante la infección por SARS-CoV-2. Específicamente, para el DENV, nuestros resultados indican que las infecciones previas con este virus promueven una producción más eficiente de anticuerpos contra el SARS-CoV-2. Por lo tanto, comprender el impacto de las etiologías que circulan con frecuencia en áreas específicas beneficia el diseño de pautas de control de virus emergentes.

Palabras clave: COVID-19, dengue, enfermedad transmitida por vector, SARS-CoV-2, serología.

ÁREA TEMÁTICA: Antivirales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.745.705>

ACV-2025-011

La curcumina inhibe la infección *in vitro* por SARS-CoV-2 en células Vero E6 a través de múltiples mecanismos antivirales

DAMARIZ MARÍN-PALMA^{1,2}, JORGE H. TABARES-GUEVARA³,
WILDEMAN ZAPATA-BUILES^{2,3}, JUAN C. HERNANDEZ^{2,3}, NATALIA A. TABORDA^{3,4}

¹ GIOM, Facultad de Odontología, Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín (Colombia).

² Infettare, Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín (Colombia).

³ Grupo Inmunovirología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia UdeA, Medellín (Colombia).

⁴ Grupo de Investigaciones Biomédicas Uniremington, Programa de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Corporación Universitaria Remington, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Natalia A. Taborda. natalia.taborda@uniremington.edu.co

RESUMEN

Introducción: A pesar de los avances sin precedentes en el desarrollo de vacunas para prevenir la infección por el virus SARS-CoV-2, su disponibilidad aún es limitada en algunos países del mundo; siendo necesario la búsqueda de estrategias terapéuticas alternativas para controlar y reducir la morbilidad en pacientes con COVID-19. Por lo cual investigamos las propiedades antivirales y antiinflamatorias de la curcumina contra el SARS-CoV-2 utilizando modelos *in vitro*.

Métodos: La citotoxicidad de la curcumina fue evaluada mediante el ensayo MTT en células Vero E6. La actividad antiviral de este compuesto contra el SARS-CoV-2 fue evaluada mediante cuatro estrategias de tratamiento (i. tratamiento pre-posinfección, ii. Cotratamiento, iii. preinfección y iv. posinfección). Se utilizaron la cepa D614G y la variante Delta del SARS-CoV-2, y el título viral se cuantificó mediante un ensayo de placas. El efecto antiinflamatorio se evaluó en células mononucleares de sangre periférica (PBMC) mediante qPCR y ELISA.

Resultados: Mediante el tratamiento previo y posterior a la infección, la curcumina (10 µg/mL) mostró un efecto antiviral del 99 y el 99,8 % contra la cepa D614G y la variante Delta, respectivamente. La curcumina también inhibió la cepa D614G mediante el tratamiento previo y posterior a la infección. Además, la curcumina mostró un efecto virucida contra la cepa D614G y la variante Delta. Finalmente, las citocinas proinflamatorias (IL-1β, IL-6 e IL-8) liberadas por las PBMC desencadenadas por el SARS-CoV-2 disminuyeron después del tratamiento con curcumina.

Conclusiones: Nuestros resultados sugieren que la curcumina afecta el ciclo replicativo del SARS-CoV-2 y exhibe un efecto virucida con un efecto antiviral independiente de variante/cepa y propiedades inmunomoduladoras. Este es el primer estudio que muestra un efecto combinado (antiviral/antiinflamatorio) de la curcumina durante la infección por SARS-CoV-2. Sin embargo, se requieren estudios adicionales para definir su uso como tratamiento para el COVID-19.

Palabras clave: COVID, SARS-CoV-2, curcumina, antivirales, inflamación.

ÁREA TEMÁTICA: Hepatitis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.745.706>

ACV-2025-012

Epidemiología molecular del virus de la hepatitis B y sus mutaciones asociadas a la resistencia en el gen de la polimerasa en las Américas

ITZEL A. RUVALCABA¹, CARLOS DANIEL DÍAZ- PALOMERA²,
ADRIÁN ALEJANDRO SILVA-RÍOS¹, JOSÉ FRANCISCO MUÑOZ-VALLE³,
OLIVER VIERA-SEGURA³

¹ Licenciatura en Médico Cirujano y Partero, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara, Guadalajara (México).

² Laboratorio de Investigación en Cáncer e Infecciones, Departamento de Microbiología y Patología, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara, Guadalajara (México).

³ Instituto en Investigación en Ciencias Biomédicas, Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara, Guadalajara 44340 (México).

Correspondencia: Oliver Viera-Segura. oliver.viera@academicos.udg.mx

RESUMEN

Introducción: El virus de la hepatitis B (VHB) es un virus de ADN de gran preocupación para la salud pública, cuya polimerasa propensa a errores ha impulsado la aparición de diez genotipos distintos y una multitud de mutaciones asociadas a resistencia (RAMs).

Métodos: Se realizó un estudio retrospectivo en el que se analizaron 8152 secuencias del VHB de 27 regiones de América, recuperadas de GenBank, para construir una base de datos y examinar las asociaciones entre los genotipos/subtipos del VHB, la distribución geográfica, las mutaciones asociadas a resistencia (RAMs) y la resistencia a los análogos de núcleos(t)idos (NAs) utilizados en el tratamiento de la infección crónica. Tras el análisis filogenético, se identificaron y clasificaron las mutaciones en sitios clínicamente relevantes en el dominio de la transcriptasa inversa según su resistencia a los NAs.

Resultados: Los genotipos A (21.1 % A2 y 14.7 % A1) y D predominaron en todo el continente, mientras que los genotipos E, G, H e I representaron cada uno menos del 3 % de las secuencias. Entre las secuencias en la base de datos, el 10.6 % albergaba RAMs, predominando los genotipos G, A y H en esta categoría. La RAM más frecuentemente observada fue L180M + M204V/I, asociada con resistencia a LMV, ETV y TBV, mientras que la resistencia a ADV y TDF siguió siendo rara. Los genotipos G y A2 se asociaron significativamente con una mayor probabilidad de albergar múltiples RAMs (según lo evaluado por regresión logística), junto con un mayor riesgo de resistencia a LMV, ETV y TBV; lo contrario fue cierto para el subtipo A1. Notablemente, los genotipos H y B5 se asociaron con un riesgo elevado de resistencia a TDF.

Conclusiones: Una comprensión integral de las RAMs y los genotipos circulantes en América es esencial para identificar poblaciones de alto riesgo y establecer estrategias terapéuticas geográficamente dirigidas.

Palabras clave: virus de la hepatitis B, resistencia antiviral, mutaciones de resistencia, América.

ÁREA TEMÁTICA: Biotecnología.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.745.707>

ACV-2025-013

Diseño de una herramienta bioinformática para la obtención de oligonucleótidos aplicados a un sistema de detección simultánea de virus respiratorios

DANIEL ACOSTA URIBE¹, LEIDY JOHANA MADROÑERO¹, NURI ANDREA MERCHÁN¹,
ELIANA PATRICIA CALVO¹, JAIME EDUARDO CASTELLANOS¹

¹ Grupo Virologic, Vicerrectoría de investigaciones, Universidad El Bosque, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Daniel Acosta Uribe. dacostau@unbosque.edu.co

RESUMEN

Introducción: En Colombia, las infecciones respiratorias agudas (IRA) representan una de las principales causas de mortalidad, siendo los virus uno de sus principales agentes causales. Los síntomas producidos pueden ser similares entre diferentes virus, por lo que la implementación de sistemas de detección múltiple es altamente deseada. Esta detección puede ser realizada mediante técnicas costo-efectivas como la PCR múltiple en tiempo real (qPCR). No obstante, el diseño adecuado de oligonucleótidos representa un desafío en este contexto, ya que son escasas las herramientas bioinformáticas que permitan diseñar estos elementos con un gran número de secuencias y dirigido a la amplificación de regiones conservadas. Por esta razón, se planteó el diseño y desarrollo de una herramienta bioinformática para la obtención de oligonucleótidos dirigidos a la detección múltiple de virus respiratorios mediante qPCR.

Métodos: Se obtuvieron entre 1080 y 5436 secuencias de los genes blanco de adenovirus humano, virus sincitial respiratorio e Influenza A y B desde las bases de datos de NCBI, las cuales fueron almacenadas en un repositorio local. Posteriormente, se implementaron diferentes algoritmos para la automatización de las etapas de alineamiento múltiple, edición de alineamientos, eliminación de secuencias idénticas, diseño de oligonucleótidos y evaluación de la especificidad. Se evaluó la herramienta en cuanto a los parámetros de diseño esperados y su eficiencia, comparándola con una metodología ejecutada usando diferentes herramientas que funcionan de manera independiente, incluyendo los tiempos de ejecución.

Resultados: Ambos enfoques permitieron obtener oligonucleótidos aptos para ensayos de qPCR; además, la herramienta automatizada mostró un rendimiento superior, reduciendo el tiempo de procesamiento en un 99.91 % respecto al método manual.

Conclusiones: La herramienta computacional desarrollada posee un alto potencial de mejora para el diseño de oligonucleótidos para ensayos de qPCR aplicados a la detección de diferentes patógenos.

Palabras clave: bioinformática, qPCR, Oligonucleótidos, virus respiratorio.

ÁREA TEMÁTICA: Evolución viral.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.001.708>

ACV-2025-014

Identificación de genotipos y linajes de los serotipos del virus dengue en Cartagena (Colombia) durante 2018-2022

EDER CANO-PÉREZ^{1,2}, DORIS GÓMEZ-CAMARGO^{1,2}, DACIA MALAMBO-GARCÍA¹

¹ Grupo de Investigación UNIMOL, Facultad de Medicina, Universidad de Cartagena, Cartagena (Colombia).

² Doctorado en Medicina Tropical, Facultad de Medicina, Universidad de Cartagena, Cartagena (Colombia).

Correspondencia: Dacia Malambo-García. dmalambog@unicartagena.edu.co

RESUMEN

Introducción: Los serotipos y genotipos del virus del dengue (DENV) son determinantes significativos de la gravedad clínica y del potencial epidémico de la enfermedad. Este estudio tuvo como objetivo genotipificar los serotipos circulantes de DENV en Cartagena (Colombia).

Métodos: Se analizaron muestras positivas para DENV-1, DENV-2 y DENV-3, recolectadas entre 2017 y 2022, como parte de un estudio de vigilancia. Se eligieron aquellas con valores de $Ct \leq 25$ para la secuenciación del genoma completo utilizando el sistema MinION de Oxford Nanopore mediante el enriquecimiento del genoma viral por amplificación. Para cada serotipo se construyeron conjuntos de datos filogenéticos que incluyeron únicamente secuencias >8000 pb con información completa de año y origen. Las secuencias se alinearon con MAFFT y se analizaron filogenéticamente con IQ-TREE, evaluando la robustez con SH-aLRT y 1000 réplicas de “bootstrap”.

Resultados: En total se obtuvieron 25 secuencias genómicas de DENV, de las cuales 23 fueron completas o casi completas (>8000 pb): nueve correspondientes a DENV-1, nueve a DENV-2 y cinco a DENV-3. El valor promedio de Ct fue 23,1 para DENV-1, 25,0 para DENV-2 y 26,2 para DENV-3. Los genomas presentaron una cobertura media del 89,9 % y una profundidad promedio de 355X. Las secuencias de DENV-1 (2018-2020) pertenecieron al genotipo V (siete al linaje D.1 y dos al linaje D.2); las de DENV-2 (2019-2022), al linaje D.2 del genotipo III; y las de DENV-3 (2018-2019), al linaje C.2 del genotipo III. Todas las secuencias obtenidas se agruparon filogenéticamente con cepas circulantes previamente reportadas en Colombia y otros países de la región.

Conclusiones: La detección de múltiples linajes y genotipos de DENV en Cartagena revela una dinámica viral activa que exige vigilancia genómica sostenida, esencial para detectar cambios evolutivos a tiempo y optimizar las estrategias de control y prevención en zonas endémicas.

Palabras clave: dengue, serotipos, genotipos, vigilancia genómica.

ÁREA TEMÁTICA: Virología clínica.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.001.709>

ACV-2025-015

Frotis periférico: olvidado pero esencial. Blastoconidias intracelulares como clave diagnóstica en histoplasmosis diseminada y VIH avanzado

DAMIAN OCHOA GÜETTE¹, ARIEL NAVARRO BECERRA¹, CAROLINA CAICEDO SÁNCHEZ¹,
LISHA CRUZ SOTO¹, MICHAEL VÉLEZ LORA¹, JAIME BARROS PÁJARO²

¹ Residente de Medicina Interna, Universidad Libre, Barranquilla (Colombia).

² Médico general, Organización Clínica General del Norte, Barranquilla (Colombia).

Correspondencia: Damian Ochoa Güette. Damianavibactam@gmail.com.

RESUMEN

Introducción: La histoplasmosis diseminada es una infección oportunista grave causada por *Histoplasma capsulatum*, especialmente frecuente en personas con VIH con niveles de CD4 <150 células/mm³. Presenta una clínica variable y su diagnóstico puede ser complejo, especialmente en regiones con recursos limitados.

Métodos: Se presenta el caso de un paciente masculino con VIH avanzado, quien acude por fiebre persistente, pérdida de peso, lesiones cutáneas nodulares y síndrome constitucional.

Resultados: Los estudios iniciales reportaron pancitopenia y estudios negativos para neuroinfección. Destacó el hallazgo de levaduras intracelulares compatibles con *Histoplasma* en el frotis de sangre periférica (FSP), realizado mediante sistema digitalizado (Cellavision). La carga viral era detectable, el CD4 era de 6 células/mm³ y las serologías para *Histoplasma* fueron negativas. Se instauró tratamiento antifúngico empírico con anfotericina B liposomal, seguido de itraconazol oral, con mejoría clínica progresiva.

Conclusiones: Este caso resalta el valor del FSP como herramienta diagnóstica rápida, especialmente útil en contextos sin acceso inmediato a pruebas moleculares o cultivos prolongados. El hallazgo de *Histoplasma* intracelular en neutrófilos, aunque poco común, puede encontrarse hasta en 53.75 % de los casos de histoplasmosis diseminada. En pacientes con inmunosupresión severa y manifestaciones sistémicas, el FSP debe considerarse como apoyo inicial clave para establecer un diagnóstico oportuno y comenzar tratamiento antifúngico precozmente.

Palabras clave: histoplasmosis, VIH, frotis digitalizado, infecciones fúngicas invasivas, citología diagnóstica, coinfecciones.

ÁREA TEMÁTICA: Respuesta inmune.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.001.710>

ACV-2025-019

Evaluación del potencial inmunomodulador de β -glucanos de hongos funcionales sobre células humanas primarias expuestas a virus sincitial respiratorio (RSV)

MARÍA CAMILA LOAIZA CEBALLOS¹, JUAN CARLOS HERNÁNDEZ¹,
JOSÉ ALDEMAR CIRO USME², SANTIAGO RENDÓN MARÍN³,
DIANA CAROLINA QUINTERO GIL⁴, DIANA MARYORY GÓMEZ GALLEGÓ¹

¹ Grupo Inffetare, Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Medellín (Colombia).

² CIST: Centro de Investigación en Salud para el Trópico, Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Santa Marta (Colombia).

³ Grupo de Investigaciones Biomédicas Uniremington, Facultad de Ciencias de la Salud, Corporación Universitaria Remington, Medellín (Colombia).

⁴ VitalSetas S.A.S.

Correspondencia: María Camila Loaiza Ceballos. Mariac.loaiza@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: El virus sincitial respiratorio (RSV) es un agente causal de gran importancia en las infecciones respiratorias agudas, especialmente en poblaciones vulnerables. Su control se ve limitado por la falta de tratamientos y vacunas eficaces. Ante esta problemática, los hongos funcionales han ganado interés por sus compuestos bioactivos, en particular los β -glucanos, reconocidos por su capacidad inmunomoduladora. Gracias a esta propiedad, se consideran una alternativa natural prometedora para modular la respuesta inmune frente a diversas enfermedades, incluyendo infecciones virales como la causada por RSV. El objetivo de este estudio fue evaluar el potencial inmunomodulador de extractos de β -glucanos de tres hongos funcionales (*Trametes versicolor*, *Inonotus obliquus* y *Cordyceps militaris*) sobre células mononucleares de sangre periférica (CMSP) expuestas al virus.

Métodos: Se desarrolló un estudio experimental in vitro con células mononucleares de sangre periférica (CMSP) obtenidas de al menos tres donantes sanos, las cuales fueron tratadas con extractos comerciales de los hongos y posteriormente expuestas a RSV. Se evaluó la citotoxicidad de cada uno de los extractos, la producción de citoquinas proinflamatorias (IL-8, TNF- α e IL-1 β) y antiinflamatorias (IL-10 y TGF- β) mediante ELISA, así como la expresión de sus genes mediante qPCR.

Resultados: Los extractos no inducen citotoxicidad en las concentraciones evaluadas. Además, la exposición combinada a los extractos fúngicos y al RSV generó un aumento significativo en la producción de IL-8, IL-1 β , TNF- α e IL-10 en comparación con las condiciones en las que las células fueron tratadas solo con los hongos o solo con el virus.

Conclusiones: Los extractos de β -glucanos de *T. versicolor*, *I. obliquus* y *C. militaris* presentan un efecto inmunoestimulante aditivo o sinérgico al combinarse con RSV, lo que sugiere que podrían modular la respuesta inmune frente a infecciones virales para construir una alternativa natural complementaria para su manejo.

Palabras clave: inmunomodulación, hongos funcionales, RSV, β -glucanos.

ÁREA TEMÁTICA: Virología clínica.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.001.711>

ACV-2025-020

Cuatro enemigos, una médula: Linfohistiocitosis hemofagocítica por *Histoplasma capsulatum*, citomegalovirus, virus de Epstein - Barr y VIH

EDWIN TORRES ACOSTA¹, DAMIAN OCHOA GÜETTE¹, ARIEL NAVARRO BECERRA¹,
CAROLINA CAICEDO SÁNCHEZ¹, LISHA CRUZ SOTO¹, MICHAEL VÉLEZ LORA¹

¹ Residente de Medicina Interna, Universidad Libre, Barranquilla (Colombia).

Correspondencia: Damian Ochoa Güette. Damianavibactam@gmail.com

RESUMEN

Introducción: La linfohistiocitosis hemofagocítica (LHH) es un síndrome hiperinflamatorio severo, causado por activación excesiva de macrófagos y linfocitos T, que produce liberación de citocinas y disfunción multiorgánica. En personas con inmunosupresión avanzada, como en el VIH, puede originarse por múltiples infecciones.

Métodos: Presentamos un paciente masculino de 34 años con VIH en estadio C3 (CD4: 38 cel/mm³; carga viral >4 millones), sin tratamiento antirretroviral (TARGA), quien ingresó por fiebre persistente, pérdida de peso, diarrea crónica, ictericia y disnea progresiva.

Resultados: La tomografía evidenció una lesión ocupante de espacio (LOE) pulmonar derecha con extensión mediastinal, que requirió lobectomía segmentaria. Ante hipoxemia e infiltrados pulmonares difusos, se sospechó infección por *Pneumocystis jirovecii*, iniciándose tratamiento empírico con trimetoprim-sulfametoxazol. Se documentó hiponatremia hipoosmolar euvolémica compatible con SIADH, con mejoría tras restricción hídrica. Por persistencia de fiebre, hepatoesplenomegalia y bicitopenia, se sospechó LHH. El aspirado de médula ósea mostró histiocitos con hemofagocitosis. Se confirmó LHH con HScore de 246 (>99 %) y HLH score de 7/8. Posteriormente, se detectó antígeno urinario positivo para *Histoplasma capsulatum* (15.4 ng/mL), serologías IgM/IgG reactivas para CMV y EBV, sin retinitis por CMV, y carga viral de 601 copias/mL. Se inició tratamiento con anfotericina B liposomal, ganciclovir y dexametasona. Durante la hospitalización presentó hepatotoxicidad (DILI) secundaria a ganciclovir, que fue suspendido, con posterior mejoría clínica y paraclínica. La biopsia pulmonar reportó histoplasmosis con compromiso ganglionar (histoplasmosis). Al descartarse neuroinfección, se inició TARGA, con buena tolerancia. Evolucionó favorablemente y se egresó con TARGA, itraconazol y dexametasona. El mielocultivo fue positivo a los 40 días, Lowenstein-Jensen negativo, y se encuentra en espera de tipificación para agentes fúngicos.

Conclusiones: Este caso destaca la importancia de considerar coinfección oportunista multifactorial como desencadenante de LHH en pacientes con VIH avanzado, y el valor del abordaje integral y secuencial para mejorar el pronóstico.

Palabras clave: VIH avanzado, linfohistiocitosis hemofagocítica, histoplasmosis, inmunosupresión, oportunistas.

ÁREA TEMÁTICA: Virología clínica.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.001.712>

ACV-2025-021

Consecuencias de la infección por dengue y de la coinfección genital por microorganismo atípico en paciente gestante: implicaciones del diagnóstico molecular

DAVID SUÁREZ-CONSUEGRA^{1,2}, SAMUEL GUERRA-BELTRÁN^{1,2}, MARIANA DEVIA^{2,3},
JEZID MIRANDA-QUINTERO^{4,5}, MARGARITA OCHOA-DÍAZ^{1,2}

¹ Escuela de Medicina, Universidad del Sinú, seccional Cartagena (Colombia).

² Grupo de Investigación GIBACUS, Universidad del Sinú, seccional Cartagena (Colombia).

³ Postgrado en Ginecología y Obstetricia, Universidad del Sinú, seccional Cartagena (Colombia).

⁴ Departamento de Ginecología y Obstetricia, Universidad de Cartagena (Colombia).

⁵ Grupo de Investigación GRICIO, Universidad de Cartagena (Colombia).

Correspondencia: Margarita Ochoa-Díaz. mdochoadiaz@gmail.com

RESUMEN

Introducción: Gestante primigesta, 19 años (G1P0), 36 semanas gestación, consultó por síndrome febril de 48 horas sin foco aparente. Presentaba dolor retrocular, mialgias, artralgias, náuseas y vómitos.

Métodos: Exámenes iniciales mostraron hemoglobina 10,5 g/dL y plaquetas 165000/mm³; NS1 e IgG positivos (infección por dengue sin signos de alarma). Hospitalizada recibió manejo sintomático e hidratación. A pesar de manejo persiste fiebre (38,5°C), taquicardia, trombocitopenia progresiva (117000/mm³), anemia moderada y transaminitis leve (AST:120U/L, ALT:77U/L). Ante persistencia del cuadro, se amplían estudios, cultivo vaginal convencional (negativo). Al octavo día presentó contracciones dolorosas con desaparición de la fiebre.

Resultados: Ante evolución atípica y cultivos negativos, se ordenó PCR (secreción vaginal), identificándose coinfección por *Mycoplasma genitalium*, *M. hominis* y *Ureaplasma urealyticum/parvum*. Al noveno día desarrolló dinámica uterina sostenida y ruptura de membranas, con parto pretérmino (PP) vaginal sin complicaciones. Recién nacido masculino, pesó 2670 g, APGAR normal. Madre y neonato egresaron en buenas condiciones.

Conclusiones: Virus del dengue induce liberación de citocinas proinflamatorias (IL-6, IL-8) y TNF- α , donde a través de receptores tipo Toll incrementan la síntesis de prostaglandinas, lo cual favorece la actividad uterina. Micoplasmas genitales contienen lipopéptidos que activan NF- κ B en trofoblastos, lo cual genera COX-2 y prostaglandina E2, además de estimular la producción de IL-1 β , IL-6, IL-8 y TNF- α . *U. urealyticum* en el líquido amniótico se asocia con mayores niveles de estas citocinas y metaloproteinasas. Estudios indican que la presencia de *M. hominis*, *M. genitalium*, *U. parvum* y *U. urealyticum* incrementan el riesgo de parto pretérmino (PP) y colonización de membranas placentarias con estos se relaciona con corioamnionitis y PP. Prolongación febril y alteración hematológica sugieren respuesta inmunoinflamatoria sostenida *ad portas* del parto. Coinfección por micoplasmas pudo amplificar cascada inflamatoria y producción de prostaglandinas, precipitando PP. Se subraya la necesidad de vigilancia estrecha de infecciones virales prevalentes complementadas con herramientas diagnósticas de alto nivel frente a cuadros atípicos persistentes anticipando desenlaces obstétricos adversos.

Palabras clave: dengue, gestante, microorganismo atípico.

ÁREA TEMÁTICA: Virología clínica.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.001.713>

ACV-2025-022

Neumonía e ictericia por infección respiratoria viral: reporte de caso con presentación atípica y la importancia del diagnóstico molecular

SAMUEL GUERRA-BELTRÁN^{1,2}, DAVID SUÁREZ-CONSUEGRA^{1,2}, JULIÁN CÓRDOBA-BERTEL^{1,2}, MARGARITA OCHOA-DÍAZ^{1,2,3}

¹ Escuela de Medicina, Universidad del Sinú, seccional Cartagena (Colombia).

² Grupo de Investigación GIBACUS, Universidad del Sinú, seccional Cartagena (Colombia).

³ Asociación Colombiana de Infectología (Colombia).

Correspondencia: Margarita Ochoa-Díaz. mdochoadiaz@gmail.com

RESUMEN

Introducción: Se presenta caso de hombre de 24 años previamente sano, 4 días de fiebre, tos productiva, disnea progresiva, rash maculopapular e ictericia escleral de un día de evolución. Niega desplazamientos recientes y/o consumo de medicamentos, con inmunización completa.

Métodos: Ingresó el 13/11/2024 con SatO₂ 95 %, bilirrubina total (BT) 5.66 mg/dL, B. directa (BD) 5.19, AST 52 U/L, ALT 96 U/L, LDH 255, hemograma con neutrofilia leve, linfopenia y reticulocitos 0.7 %. Ecografía abdominal normal. Iniciaron con ceftriaxona y claritromicina (FI 13/11/24); luego Cefepime (FI 14/11/24); Doxicilina (FI 18/11/24); Meropenem y Linezolid (FI 21/11/24); además de oseltamivir (FI 18/11/24), este empírico por riesgo laboral de H5N1. Paneles moleculares y serologías descartaron dengue, leptospirosis, malaria, hepatitis B, Epstein-Barr, Legionella, infección por mycoplasma y tuberculosis. Panel molecular respiratorio confirmó infección por virus parainfluenza tipo 2 (HPIV-2). Lavado broncoalveolar y cultivos negativos, lo cual permitió desescalada antibiótica. La bilirrubina alcanzó 5.79 mg/dL (14/11), descendió a 3.07 (19/11); ALT y AST aumentaron moderadamente (96 a 135 y 52 a 77 U/L), fosfatasa alcalina entre 141 y 152 U/L, Factor R 1.9–2 (patrón mixto colestásico). Colangiografía (15/11) sugirió colestasis por sepsis. No hubo hemólisis significativa. TAC de tórax: consolidación multilobar (predominio LSD y lóbulo medio), opacidades en vidrio esmerilado, derrame pleural leve. Requirió oxigenoterapia de alto flujo (PAFI 280, (FI 21/11).

Resultados: El cuadro fue interpretado como colestasis inflamatoria secundaria a sepsis pulmonar viral, sin DILI, aunque con ictericia presente al ingreso. Oseltamivir se usó sin evidencia de eficacia en HPIV-2; los antivirales en investigación muestran resultados limitados.

Conclusiones: El paciente evolucionó favorablemente, con mejoría respiratoria e ictericia en tres semanas, egresando con seguimiento ambulatorio. El caso resalta la importancia de reconocer manifestaciones extrapulmonares poco frecuentes en infecciones virales respiratorias, ampliar el enfoque diagnóstico con herramientas moleculares y documentar adecuadamente hallazgos clínicos, así como promover el uso racional de antimicrobianos.

Palabras clave: neumonía, ictericia, virus parainfluenza tipo 2.

ÁREA TEMÁTICA: Virus de animales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.001.714>

ACV-2025-023

Evaluación de coinfección en felinos domésticos positivos a FeLV

ÁNGELA M. SÁNCHEZ-PAMPLONA¹, LEIDY ALEJANDRA GIRALDO-MARTÍNEZ¹,
JULIÁN MARÍN-VILLA¹, FELIPE AMADOR-LUJÁN¹, ALIDA CAROLINA VALENCIA-
GAFARO¹, JUAN CAMILO ÁLVAREZ-DÍAZ¹, CÉSAR ORLANDO MUÑOZ-CADAVID¹

1 Grupo de Investigación On Site Research, On Site Diagnostic SAS, Medellín
(Colombia).

Correspondencia: CésarOrlandoMuñoz-Cadavid.direccioncientifica@osdiagnostic.com

RESUMEN

Introducción: El virus de la leucemia felina (FeLV) es un retrovirus caracterizado por generar un efecto inmunosupresor, lo que predispone al paciente a presentar coinfecciones. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de coinfección en pacientes positivos a FeLV y analizar su relación con variables epidemiológicas.

Métodos: Se realizó un estudio retrospectivo en muestras positivas a FeLV mediante qPCR, que fueron remitidas al laboratorio On Site Diagnostic durante 2024 y 2025, provenientes de Medellín, Bogotá, Santander y Pasto.

Resultados: El total de pacientes analizados fue de 150, se presentó una edad media de 3.41 años, con un predominio de machos (60.4 %) frente a las hembras (38.7 %). En los grupos etarios se observó que la mayoría son adultos (68 %), siguiendo cachorros (18.7 %) y en menor cantidad gerontes (12 %). La raza predominante fue la criolla, con un total de 135 individuos. La prevalencia global de coinfecciones fue del 18.7 %. Las coinfecciones predominantes fueron *Anaplasma spp.* (14.8 %), *Bartonella spp.* (11.8 %), *Hepatozoon spp.* (11.5 %) y *Mycoplasma spp.* (11.1 %). La carga viral promedio (CT) fue de 22.83; no se halló asociación significativa con la presencia de coinfección, ni con el número de patógenos. Se encontró una asociación significativa con relación a los grupos etarios y la presencia de coinfección ($p = 0.001$), siendo los cachorros el grupo más vulnerable, que puede ser reflejo de su sistema inmune aún inmaduro. No se evidenció una relación significativa entre la coinfección y el sexo, lo que sugiere que machos y hembras están en riesgo similar.

Conclusiones: Estos hallazgos refuerzan la importancia de un enfoque diagnóstico integral en gatos positivos a leucemia, con énfasis en cachorros y la inclusión de los agentes *Anaplasma spp.*, *Bartonella spp.*, *Hepatozoon spp.* y *Mycoplasma spp.* en evaluación de infecciones secundarias.

Palabras clave: leucemia felina, coinfección, hemotrópicos, RT-qPCR.

ÁREA TEMÁTICA: Hepatitis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.41.03.036.015>

ACV-2025-025

Prevalencia del virus de la hepatitis C y sus factores asociados en donantes de sangre de un hemocentro de Antioquia, 2012-2024

VALERIA RÚA-RICO¹, CAROLINA GÓMEZ-HOLGUÍN¹, VALERIA ROJAS-VEGA¹,
JAIBERTH ANTONIO CARDONA-ARIAS¹

¹ Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. GIMeTT Grupo de Investigación en Medicina Transfusional y Terapia Celular.

Correspondencia: Valeria Rúa-Rico. valeria.ruar@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: El virus de la hepatitis C (VHC) afecta cerca del 1 % de la población mundial, causa infecciones hepáticas agudas o crónicas, y se transmite predominantemente por vía sanguínea, siendo la principal causa de hepatitis postransfusional. En Colombia, los hemocentros cumplen un papel fundamental en la vigilancia epidemiológica del VHC en población general y en la detección de casos en personas asintomáticas. Los objetivos de esta investigación fueron determinar la prevalencia del VHC, analizar su distribución espacio-temporal e identificar los factores asociados con la infección en donantes de sangre atendidos en un hemocentro del departamento de Antioquia entre 2012 y 2024.

Métodos: Se realizó un estudio ecológico mixto con registros de 236 896 donantes. Se exploraron asociaciones mediante pruebas de Chi-cuadrado y regresión logística, ajustando por posibles variables confusoras. Las razones de odds ajustadas (ORa) midieron la fuerza de asociación. El análisis estadístico se realizó en SPSS versión 29.0.

Resultados: La prevalencia de periodo del VHC fue de 4,5 por 1000 donantes; en el análisis temporal se halló una disminución desde 2020, y en el análisis espacial, las prevalencias más altas se registraron en donantes captados en Támesis (48,4/1000), San Jerónimo (47,2/1.000), Cisneros (37,0/1.000), Guatapé (31,3/1.000) y Tarso (21,7/1.000). Las proporciones más altas se registraron en los mayores de 59 años (5,5/1.000), amas de casa (5,3/1000), donantes por reposición (5,4/1.000) y donantes de primera vez (6,0/1.000). Los factores asociados fueron la edad avanzada (ORa: 1,68; IC95 % = 1,28-2,20), tipo de donación por reposición (ORa: 1,18; IC95 % = 1,03-1,35) y ser donante de primera vez (ORa: 2,17; IC95 % = 1,83-2,57).

Conclusiones: Estos hallazgos concuerdan con estudios nacionales e internacionales y resaltan la importancia del hemocentro como fuente estratégica de vigilancia activa y generación de evidencia epidemiológica del VHC en Colombia.

Palabras clave: donantes de sangre, prevalencia, virus de la hepatitis C.

ÁREA TEMÁTICA: Virus de animales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.001.716>

ACV-2025-027

Ensayo clínico controlado del efecto antiviral de la azatioprina en caninos infectados con el virus del distemper canino: un estudio multicéntrico

CAROLINA RÍOS-USUGA¹, SARA ROBLEDO², MARLEN MARTÍNEZ-GUTIÉRREZ³,
JULIÁN RUIZ-SÁENZ¹

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales (GRICA), Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia, Bucaramanga 680002 (Colombia).

² Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales PECET, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

³ Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Julián Ruiz-Sáenz. julian.ruizs@campusucc.edu.co

RESUMEN

Introducción: El virus del distemper canino (CDV) es el agente etiológico de una enfermedad infecciosa multisistémica frecuente en carnívoros, con manifestaciones que varían desde casos subclínicos hasta cuadros severos con desenlace mortal. Actualmente no existe un tratamiento específico consensuado para esta infección. La azatioprina (AZA), un profármaco análogo de purinas, ha demostrado actividad antiviral *in vitro* frente al CDV, lo que motivó su evaluación en un contexto clínico. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto antiviral y la seguridad de la administración oral de AZA en perros positivos para CDV.

Métodos: Se desarrolló un ensayo clínico multicéntrico, aleatorizado y controlado con placebo. Los pacientes fueron divididos en dos grupos: el grupo tratamiento recibió soporte convencional más AZA, a una dosis de 1mg/kg, y el grupo control recibió soporte convencional más placebo. Ambos grupos fueron monitoreados durante 63 días mediante evaluaciones clínicas, hemogramas, química sanguínea y RT-qPCR.

Resultados: La AZA presentó un perfil de seguridad y tolerancia adecuado, sin evidencias de alteraciones gastrointestinales ni en parámetros hematológicos o bioquímicos. En cuanto a la eficacia, el grupo tratado con AZA mostró una tasa de supervivencia del 58,8 %, mientras que en el grupo placebo fue del 35,3 %. Aunque no se observó una disminución significativa de la carga viral ni una recuperación clínica completa en los perros tratados con AZA, sí se evidenció un aumento relevante en la supervivencia sin efectos adversos asociados.

Conclusiones: Estos hallazgos sugieren que la azatioprina podría ser considerada como parte del tratamiento complementario en pacientes caninos clínicamente confirmados con CDV, ya que mejora potencialmente el desenlace clínico, especialmente en términos de supervivencia.

Palabras clave: virus, canino, supervivencia, antiviral.

ÁREA TEMÁTICA: Virus de animales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.001.717>

ACV-2025-028

Circulación de genogrupos del virus de la enfermedad de Gumboro en Colombia: implicaciones para el control en granjas avícolas

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

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

Correspondencia: Arlen P. Gómez. apgomezr@unal.edu.co

RESUMEN

Introducción: IBDV (*Infectious Bursal Disease Virus*) es el agente causal de la Enfermedad de Gumboro, una patología viral que genera inmunosupresión en aves domésticas, particularmente en pollos. Este virus, perteneciente al género *Avibirnavirus*, posee un genoma de ARN de doble cadena y se distingue por su alta tasa de mutación, reasociación y recombinación genética, lo cual favorece el aumento de su virulencia y la modificación de su antigenicidad. Debido a estos factores, la caracterización molecular del virus resulta esencial para orientar eficazmente las estrategias de prevención y control. En Colombia y en gran parte de Sudamérica, la información sobre la epidemiología molecular del IBDV es limitada. Por ello, el objetivo de este estudio fue determinar la distribución de genogrupos del virus en granjas de pollos de engorde en el país.

Métodos: Se extrajo ARN viral de bursas de Fabricio de aves entre 21 y 48 días de edad, provenientes de dos regiones con alta producción avícola. Se amplificó un fragmento de 260 pb del gen VP2 mediante RT-PCR, y los productos fueron secuenciados para realizar análisis filogenéticos, incluyendo cepas vacunales utilizadas en Colombia. Se identificó la presencia del gen VP2 en las 32 muestras analizadas.

Resultados: Los virus se distribuyeron en tres genogrupos: el genogrupo 1 (clásico) en el 71,9 % de las muestras, el genogrupo 2 (variante antigénica) en el 21,9 %, y el genogrupo 4 (dIBDV, linaje genético emergente) en el 6,2%. Dentro de los genogrupos se detectaron variaciones, especialmente en el genogrupo 2, en el que se identificaron linajes G2b y G2c.

Conclusiones: La presencia de estos tres genogrupos, también prevalentes a nivel global, resalta la necesidad de implementar modelos de clasificación más específicos que permitan asociar mejor la variabilidad genética con los signos clínicos observados en campo y las estrategias de control en el país.

Palabras clave: aves comerciales, genotipos, IBDV, Colombia.

ÁREA TEMÁTICA: Virología estructural.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.102.718>

ACV-2025-029

Análisis *in sílico* de la interacción entre propileno y proteínas clave en el ciclo de replicación VIH mediante acoplamiento y dinámica molecular

HERNANDO ALIRIO PALACIO MOSQUERA¹, MARIANA GONZÁLEZ IDÁRRAGA¹,
VALERIA HERNÁNDEZ HERRERA¹, JUAN JOSÉ MANTILLA SOLARTE¹,
SANTIAGO RENDON-MARIN², DIANA MARYORY GÓMEZ-GALLEGÓ³

¹ Universidad de Antioquia, Escuela de Microbiología, Medellín (Colombia).

² Corporación Universitaria Remington, Medellín (Colombia).

³ Universidad Cooperativa de Colombia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Hernando Alirio Palacio Mosquera. hernando.palacio1@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: Los microplásticos son contaminantes emergentes con creciente evidencia sobre su capacidad de interactuar con biomoléculas, incluyendo proteínas virales. Se ha demostrado que pueden actuar como vehículos para virus, favoreciendo su estabilidad y capacidad de contacto con células huésped. Aunque se ha explorado esta interacción en otro virus, su posible efecto sobre el VIH aún no ha sido evaluado. En este contexto, este trabajo tuvo como objetivo analizar, mediante acoplamiento y dinámica molecular, la interacción entre propileno –modelo del polipropileno– y proteínas clave del VIH, identificando afinidades diferenciales y potenciales implicaciones funcionales.

Metodología: Se seleccionaron las proteínas virales gp120, gp41, proteasa e integrasa, cuyas estructuras tridimensionales fueron obtenidas del Protein Data Bank y validadas con ProSA-web y Swiss-Model. Los sitios potenciales de interacción se determinaron mediante Peptimap, y se realizaron simulaciones de acoplamiento con HADDOCK, SwissDock y Autodock Vina. La estabilidad estructural se evaluó mediante análisis de RMSD.

Resultados: gp41 presentó el mejor HADDOCK score (-10.1), aunque con el clúster size más pequeño (153), lo cual indica alta afinidad pero menor estabilidad. La proteasa obtuvo un score de -8.8 y el mayor clúster size (190), lo que sugiere una interacción estable y sostenida. La integrasa registró un score de -9.3 con clúster size de 173, y gp120 mostró un score de -8.7 con clúster size de 179. En SwissDock, gp120 presentó las energías de unión más bajas (-2.754 y -2.757 kcal/mol), aunque con interacciones inestables según RMSD.

Conclusiones: Este estudio *in silico* sugiere que el propileno mostró afinidad diferencial con proteínas clave del VIH-1, destacando posibles puntos de unión en sitios funcionales. La interacción con gp41 podría interferir en la fusión viral, mientras que la unión estable con la proteasa sugiere un posible impacto sobre la maduración del virión. Este estudio plantea una posible influencia de los microplásticos en la replicación del VIH, con implicaciones para la virología ambiental.

Palabras clave: microplásticos, VIH, acoplamiento molecular, replicación viral, proteínas.

ÁREA TEMÁTICA: Epidemiología y vigilancia.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.102.719>

ACV-2025-030

Caracterización de coinfecciones virales respiratorias detectadas en el Laboratorio de Salud Pública de Bogotá durante la vigilancia epidemiológica comprendida entre enero de 2024 a mayo de 2025

IBETH PATRICIA BULA RICARDO¹, LINA MARÍA PINEDA PULGARÍN¹,
ANGELICA MARÍA GAITÁN HERRERA¹

¹ Secretaría Distrital de Salud de Bogotá, Grupo Laboratorio de Salud Pública, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Ibeth Patricia Bula Ricardo. Ipbula@saludcapital.gov.co

RESUMEN

Introducción: Las infecciones respiratorias agudas (IRA), especialmente en niños y adultos mayores, son causadas principalmente por virus como el virus sincitial respiratorio (RSV), influenza, adenovirus y SARS-CoV-2. En Colombia se han identificado patrones estacionales de circulación de estos virus. Las coinfecciones virales, comunes en la población pediátrica, podrían agravar el cuadro clínico; sin embargo, su impacto sigue siendo motivo de debate, lo que hace necesaria mayor investigación.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio observacional retrospectivo utilizando registros del Laboratorio de Salud Pública de Bogotá. Se analizaron 15 417 muestras respiratorias mediante pruebas moleculares para identificar virus respiratorios. Se caracterizaron los casos de coinfección considerando variables sociodemográficas y clínicas (edad, sexo, tipo de atención). El análisis estadístico incluyó pruebas de chi-cuadrado, odds ratio (OR) y regresión logística binaria, con un nivel de significancia de $p < 0,05$.

Resultados: La tasa global de positividad viral fue del 20,6 %, siendo el RSV el virus más frecuente (23,2 %), seguido por Influenza A (13 %) y adenovirus (12,8 %). Se identificaron 424 casos de coinfección (2,7 % del total, 13,2 % de los positivos), predominantemente en menores de 5 años (84,9 %) y pacientes hospitalizados (94,6 %). Las combinaciones más comunes fueron RSV/Adenovirus y RSV/SARS-CoV-2. El análisis multivariado identificó como factores asociados a coinfección la interacción con el agente etiológico RSV (OR: 529,9), adenovirus (OR: 1352,1) e influenza A (OR: 302,2), con una capacidad explicativa del modelo del 69,5 % ($R^2 = 0,695$).

Conclusión: Las coinfecciones virales fueron frecuentes en niños pequeños y se asociaron a mayor severidad clínica y hospitalización. La vigilancia molecular integrada y el diagnóstico sindrómico son esenciales para la detección temprana y el manejo adecuado, especialmente en poblaciones pediátricas. Se recomienda continuar investigando los mecanismos que explican la mayor severidad observada en casos de coinfección viral respiratoria.

Palabras clave: coinfección, adenovirus, influenza, RSV, SARS CoV-2.

THEMATIC AREA: Animal viruses.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.102.720>

ACV-2025-031

Phylogenetic Analysis and Nonsynonymous Mutations in an Env Gene Fragment of FIV A in Colombian Cats

CRISTINA ÚSUGA-MONROY¹, MARÍA ALEJANDRA M. ZAPATA², GLORIA Y. SÁNCHEZ-ZAPATA³, DAISY A. GÓMEZ-RUIZ⁴

¹ Grupo GINVER, Facultad de Medicina Veterinaria, Corporación Universitaria Remington, Medellín (Colombia).

Correspondence: Cristina Úsuga-Monroy. cristina.usuga@uniremington.edu.co

ABSTRACT

Introduction: The feline immunodeficiency virus (FIV) is a retrovirus that infects domestic cats. The genetic variability of FIV, particularly in the V4–V5 region of the envelope (*env*) gene, may lead to specific amino acid changes that influence viral pathogenicity and the emergence of seven distinct subtypes. Consequently, this study aimed to determine the circulating genotype and identify nonsynonymous mutations by analyzing a fragment of the *env* gene in a sample of domestic cats from Colombia.

Methods: Blood samples were collected from 151 domestic cats. Total DNA was extracted, and an 859 bp fragment of the *env* gene was amplified. The evolutionary history of the sequences was reconstructed using both Maximum Likelihood and Bayesian phylogenetic methods. Furthermore, nonsynonymous mutations in the translated amino acid fragment of the *env* gene were analyzed using a predictive tool.

Results: A molecular prevalence of 5.29% (8/151) was observed in the sampled population. Genotype A was identified as the circulating genotype; however, the sequences clustered into distinct clades within this genotype. Twelve nonsynonymous amino acid substitutions were identified, among which H86R ($p < 0.857$), N88K ($p < 0.777$), E41V ($p < 0.773$), and K91D ($p < 0.743$) showed a high probability of being deleterious.

Conclusions: These findings highlight the genetic diversity within FIV genotype A and underscore the potential impact of specific nonsynonymous mutations on viral pathogenicity.

Keywords: deleterious, PCR, sanger sequencing, amino acids.

THEMATIC AREA: Emerging viruses.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.102.721>

ACV-2025-033

Oropouche Virus Molecular Field Data and Vector Competence: A Systematic Review of the Literature

JOSÉ FERNANDO GÓMEZ-MARÍN¹, JULIÁN RUIZ-SÁENZ¹

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales (GRICA), Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia, Bucaramanga (Colombia).

Correspondence: Julián Ruiz-Sáenz. julian.ruizs@campusucc.edu.co

ABSTRACT

Introduction: *Orthobunyavirus oropoucheense*, formerly Oropouche virus (OROV), is a re-emerging arbovirus, responsible for large-scale outbreaks across the Americas. *Culicoides paraensis* and *Culex quinquefasciatus* have been described as the main urban vectors, while *Coquillettidia venezuelensis* and *Aedes serratus* are proposed to maintain sylvatic circulation. The 2023-2025 outbreak, marked by the emergence of novel viral lineages and the introduction of OROV to Cuba, a previously non-endemic region, suggests potential shifts in vector ecology, the establishment of an urban cycle independent of wildlife reservoirs, and viral mutations with implications for vector competence.

Methods: This study presents a systematic review of entomovirological field evidence for OROV molecular detection, and vector competence experiments published up to July 2025. Six articles on molecular surveillance and 11 on vector competence were selected from peer-reviewed journals and preprint repositories and analyzed using a minimum data and metadata standard for vector competence experiments.

Results: OROV viral detection studies have only been conducted in Cuba, Brazil and Peru since 2013, with pool positivity rates ranging 0.4-56% in *Culicoides insignis*, *Limatus durhamii*, *Aedes albopictus*, *Ae. aegypti*, *Psorophora cingulata* and *Haemagogus tropicalis*, suggesting their potential role as urban and sylvatic vectors. Specifically, Ceratopogonids *Cu. paraensis* and *Cu. sonorensis* consistently demonstrate high transmission capacity (~30%), while mosquitoes (including *Aedes*, *Culex* and *Psorophora* spp.) exhibit low infection rates (<20%), and limited OROV transmission, implying midgut-level barriers. Furthermore, transmission was recently demonstrated in European lineages of *Ae. albopictus* (~12.5%), in specimens kept at 27 °C, 21 days post-infection, highlighting the need for temperature-based risk assessment, particularly in the Mediterranean basin.

Conclusions: These findings suggest that OROV remains a neglected virus, despite the scale of its epidemiological impact. Expanded genomic surveillance and vector competence research are needed to better understand OROV ecology at the sylvatic-urban interface, and to assess the risk of spread and establishment in non-endemic regions, especially beyond the Americas.

Keywords: Oropouche virus, vector competence, vector-borne infections, viral ecology.

ÁREA TEMÁTICA: Epidemiología y vigilancia.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.102.722>

ACV-2025-034

Vigilancia por laboratorio de sarampión, rubéola y síndrome de rubéola congénita - SRC en Colombia 2024-2025

CAROLINA PEÑA GUZMÁN¹, ERIKA XIMENA OSPITIA BÁEZ²,
NEILA MAYERLY PARDO DÍAZ¹, YARIELA JENESSA ACEVEDO DURÁN³,
SERGIO YEBRAIL GÓMEZ RANGEL¹

¹ Grupo de Virología, Laboratorio Nacional de Referencia-LNR, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud (Colombia).

² Grupo de investigación en Epidemiología Aplicada, Instituto Nacional de Salud (Colombia).

³ Dirección de Vigilancia y Análisis del Riesgo en Salud Pública (DVARSP). Grupo de Enfermedades Prevenibles por Vacunación y Relacionadas con la Atención en Salud, Instituto Nacional de Salud (Colombia).

Correspondencia: Carolina Peña Guzmán. cpenag@ins.gov.co

RESUMEN

Introducción: El Laboratorio de Sarampión, Rubéola y SRC del Instituto Nacional de Salud, como Laboratorio Nacional de Referencia, describe cómo se ha desarrollado la vigilancia por laboratorio en el país durante el último año y medio en respuesta a la situación epidemiológica del sarampión en el mundo y la región durante 2024 y lo corrido de 2025. La circulación de virus salvaje de sarampión ha generado 5 alertas epidemiológicas por parte de la Organización Panamericana de la Salud (OPS) en la región de las Américas durante este periodo y el nivel de riesgo que actualmente mantenemos en nuestro país es alto. Con base en la última evaluación del Comité Regional de Verificación sobre la cobertura de vacunación, el desempeño de la vigilancia epidemiológica y de laboratorio y la respuesta rápida, Colombia ha mantenido la eliminación sostenida de circulación de virus salvaje de sarampión y rubéola en el territorio.

Métodos: La vigilancia por laboratorio de sarampión, rubéola y SRC en el país incluye dos tipos de detección: indirecta, en suero anticuerpos (IgM e IgG), y directa, en muestras de hisopado respiratorio y orina, partículas virales de sarampión y rubéola. La Red de Laboratorios de Colombia está conformada por el Laboratorio Nacional de Referencia, en cabeza del INS, los laboratorios subnacionales, en cabeza de los Laboratorios de Salud Pública y los laboratorios privados, y ha permitido mantener los indicadores de cumplimiento de toma de muestra adecuada, tiempo de entrega de muestra para el procesamiento, oportunidad en los resultados y análisis de secuencias virales para determinar genotipo vacunal.

Resultados: Durante el periodo descrito, el LNR realizó 3308 (2167 en 2024 y 1141 en I semestre de 2025) análisis serológicos de anticuerpos IgM e IgG; en el país se obtuvieron 104 resultados positivos para anticuerpos IgM (58 antisarampión y 63 antirrubéola), con resultados positivos de diferenciales para parvovirus B19 (10), herpes simple 1 y 2 (21), citomegalovirus (10) y dengue (0). Los resultados en anticuerpos IgG no evidenciaron seroconversión ni aumento significativo de títulos; así mismo se realizaron 4190 análisis moleculares por RT-PCR (2811 en 2024 y 1379 en I semestre de 2025) con 2 resultados positivos en 2025 (marzo y mayo, respectivamente) y de cuyas muestras se logró obtener la fracción de 450 nucleótidos del gen N del sarampión, necesaria para secuenciar satisfactoriamente, con resultado genotipo A de tipo vacunal.

Conclusiones: El trabajo articulado de la Red de Laboratorios ha dado frutos satisfactorios en el sostenimiento de la eliminación de enfermedades como el sarampión, la rubéola y el SRC en nuestro país, y se mantiene alerta enfrentando los desafíos para dar respuesta oportuna en la vigilancia rutinaria, en la Búsqueda Activa por Laboratorio y en la respuesta a brotes que se puedan presentar.

Palabras clave: sarampión, rubéola, serología, detección viral, secuenciación, genotipo A asociado a vacuna.

ÁREA TEMÁTICA: Virus emergentes.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.102.723>

ACV-2025-035

Detección molecular del virus de encefalitis equina venezolana (VEEV) y del virus Madariaga (MADV) en roedores silvestres, mosquitos y equinos: un estudio piloto ecoepidemiológico en Valparaíso (Antioquia, Colombia)

MELISSA C. ORTIZ-PINEDA¹, MARLÉN MARTÍNEZ GUTIÉRREZ²,
JOSÉ ALDEMAR USME³, SERGIO SOLARI-TORRES⁴, GABRIEL PARRA-HENAO³,
JULIÁN RUIZ SÁENZ¹

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales (GRICA), Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia, sede Bucaramanga 680005 (Colombia).

² Grupo de Investigación en Microbiología Veterinaria, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

³ CIST: Centro de Investigación en Salud para el Trópico, Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Santa Marta (Colombia).

⁴ Grupo de Investigación en Mastozoología (GM), Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Julián Ruiz Sáenz. julian.ruizs@campusucc.edu.co

RESUMEN

Introducción: El virus de encefalitis equina venezolana (VEEV) y el virus Madariaga (MADV) pertenecen al complejo de las encefalitis equinas. Son virus neurotrópicos que causan enfermedad febril con signos clínicos inespecíficos e indistinguibles, que pueden tener consecuencias graves y fatales en huéspedes terminales como los equinos y los humanos. La detección durante la fase aguda se dificulta debido a la presentación clínica no diferenciada y las herramientas diagnósticas limitadas.

Métodos: Se realizó un estudio ecoepidemiológico y se determinó la frecuencia molecular del VEEV y MADV en equinos, mamíferos silvestres y mosquitos en zona rural del municipio de Valparaíso, en la región suroccidental de Antioquia, en julio de 2024. Los roedores y murciélagos se identificaron mediante claves dicotómicas y material craneodental de referencia; mientras que los mosquitos se identificaron mediante claves dicotómicas. Los virus se detectaron por RT-qPCR.

Resultados: El VEEV se detectó en el 45.4 % (5/11) de *Equus caballus*, el 64.2 % (9/14) de *Zygodontomys brunneus*, el 33.3 % (1/3) de *Artibeus lituratus* y el 2.5 % (1/40) de *Culicoides spp.* MADV se identificó en el 9 % (1/11) de *Equus caballus*, el 57.1 % (8/14) de *Zygodontomys brunneus*, el 33.3 % (1/3) de *Glossophaga soricina* y el 40 % (16/40) de los mosquitos recolectados. Las especies de mosquitos con resultados positivos incluyeron *Culicoides spp.*, *Aedes albopictus*, *Culex quinquefasciatus*, *Psorophora ferox* y *Haemagogus janthinomys*.

Conclusiones: Estos resultados confirman la circulación de VEEV y MADV en hospederos terminales (equinos) y en potenciales hospederos amplificadores y vectores artrópodos (roedores y murciélagos), que establecen un ciclo de transmisión activo con implicaciones críticas para la salud pública, especialmente en comunidades rurales expuestas. La coexistencia de estos arbovirus zoonóticos en el mismo ecosistema no solo incrementa el potencial de epizootias y transmisión zoonótica (*spillover*), sino que favorecen la emergencia de subtipos y variantes virales con mayor virulencia y capacidad de diseminación.

Palabras clave: alfavirus, encefalitis equina, mosquitos, vectores, reacción en la cadena de la polimerasa.

ÁREA TEMÁTICA: Evolución viral.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.102.724>

ACV-2025-036

Caracterización filogenética y filogeográfica del virus de influenza equina H3N8 en Antioquia y Cundinamarca

JULIANA GONZÁLEZ-OBANDO¹⁻⁷, MARLEN CARRILLO¹, FRANCISCO J. DÍAZ², MARIE GARVEY³, KARL CIUDERIS⁴, ISABEL MORENO⁴, JORGE E. FORERO⁵, ANDRÉS DÍAZ⁶, CARLOS ROJAS-ARBELÁEZ⁷, ANN CULLINANE³, JULIÁN RUIZ-SÁENZ¹

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales (GRICA), Universidad Cooperativa de Colombia, Bucaramanga (Colombia).

² Grupo Inmunovirología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

³ Virology Unit, Irish Equine Centre (Irlanda).

⁴ GHI One Health Colombia, Universidad Nacional de Colombia, Medellín (Colombia).

⁵ Grupo de Microbiología Ambiental, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

⁶ Pig Improvement Company, Hendersonville (USA).

⁷ Grupo de Epidemiología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Julián Ruiz-Sáenz. julian.ruizs@campusucc.edu.co

RESUMEN

Introducción: La influenza equina (IE) es una enfermedad respiratoria altamente contagiosa que afecta la salud y el rendimiento de los caballos. En Colombia, la vigilancia genómica del virus es limitada. Este estudio tuvo como objetivo caracterizar filogenética y filogeográficamente el virus de influenza equina (EIV).

Métodos: Se evaluaron muestras recogidas de 188 equinos con síntomas respiratorios entre 2020 y 2023 en Antioquia y Cundinamarca por RT-qPCR y secuenciación por Nanopore.

Resultados: 63 equinos resultaron positivos por RT-qPCR y posterior secuenciación por Nanopore. El análisis filogenético situó estas secuencias dentro del clado Florida 1 (FC1), con bootstrap de 68 % para HA y 100 % para NA. Para otros genes del genoma, los valores de bootstrap variaron entre 65 y 100 %, demostrando su relación con virus de influenza equina en Estados Unidos. Se identificaron múltiples sustituciones en sitios antigénicos clave de HA (como A138S, N159S, T163I, N188T, R62K, N63D) asociadas a deriva antigénica y potencial evasión inmune, así como mutaciones en genes de la polimerasa (PB1, PB2, PA) asociadas a adaptación viral y posibles cambios en la replicación viral. Algunas de estas sustituciones también han sido implicadas en eventos de transmisión interespecie hacia caninos (por ejemplo, T30S en HA). El análisis filogeográfico estimó el ancestro común más reciente (tMRCA) en 2020, además reveló que la secuencia de Cundinamarca (Col/48/2022) y las secuencias de Antioquia (Col/76/2022, Col/118/2022) ingresaron de manera independiente a Colombia desde los Estados Unidos, lo que sugiere al menos dos eventos independientes de introducción desde Estados Unidos, probablemente asociados al movimiento internacional de caballos de competencia.

Conclusiones: Nuestros hallazgos evidencian la circulación exclusiva del subtipo H3N8 en el país y destacan la importancia de monitorear la evolución del EIV. Además, los resultados de esta investigación podrían dar lineamientos para mejorar las estrategias de control y prevención en la salud equina en Colombia.

Palabras clave: influenza equina, H3N8, filogenética, Colombia, salud animal.

ÁREA TEMÁTICA: Zoonosis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.102.725>

ACV-2025-037

Alta prevalencia de virus de la coriomeningitis linfocítica (LCMV) en ratones domésticos del área urbana del municipio de Sincelejo, región Caribe de Colombia

KAROL RUEDA-CONCHA¹, MARLON ARROYO¹, LUIS E PATERNINA¹

¹ Grupo Investigaciones Biomédicas, Universidad de Sucre, Sincelejo (Colombia).

Correspondencia: Karol Rueda-Concha. Karolrueda9008@gmail.com

RESUMEN

Introducción: Los ratones domésticos (*Mus musculus*) se han asociado con la transmisión del virus de la coriomeningitis linfocítica (LCMV); los roedores infectados pueden liberar el virus a través de su saliva, secreciones nasales, orina y hasta sus heces. Este virus puede transmitirse vía aerosoles, a través de la piel, membranas mucosas con excoriaciones e incluso a través de la mordida; los síntomas de humanos infectados son similares a la gripe y pueden incluir fiebre, dolores musculares, dolor de cabeza y, en casos graves, problemas neurológicos. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de infección con LCMV en ratones domésticos del área urbana del municipio de Sincelejo.

Métodos: Se capturaron y evaluaron 92 roedores procedentes de nueve comunas de la zona urbana, a los cuales se les extrajo el cerebro para la extracción de ARN y posteriormente se analizaron mediante RT-PCR semianidada, utilizando cebadores diseñados para amplificar una región de 320 pb de la proteína RdRp de LCMV.

Resultados: Se logró detectar LCMV en el 38.5 % de los cerebros analizados, con roedores positivos a LCMV en todas las comunas analizadas. Estudios previos sobre este arenavirus en Sincelejo mostraban prevalencia de 20 % en roedores procedentes de 5 comunas,

Conclusiones: El gran cambio en la prevalencia y distribución de LCMV indica que el riesgo de infecciones arenavirales en población de la zona urbana de Sincelejo es aún mayor en comparación con la década anterior; situación que bien podría pasar desapercibida, ya que estos agentes virales no cuentan con métodos diagnósticos comerciales en el país.

Palabras clave: LCMV, roedores sinantrópicos, RT-PCR, Sincelejo.

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-INO FUENTE¹, 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.

ÁREA TEMÁTICA: Marcadores de infección viral.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.102.727>

ACV-2025-039

Espectroscopía Raman como herramienta rápida para el diagnóstico del virus del dengue a partir de muestras de suero

ANTONIO J. ACOSTA-HOYOS¹, AILEEN Y. CHANG², LEONARDO C. PACHECO-LONDOÑO¹,
JUAN DAVID ALZATE², MARTHA GUERRA-SIMANCA¹, JOSE FORERO-MEJÍA²,
LEONARDO ARRIETA-RANGEL¹, ALFONSO SUCERQUIA-HERNÁNDEZ²

¹ Life Sciences Research Center, Universidad Simón Bolívar, Barranquilla (Colombia).

² Department of Medicine, George Washington University, Washington, DC (United States of America)

Correspondencia: Antonio J. Acosta-Hoyos. antonio.acosta@unisimon.edu.co

RESUMEN

Introducción: El diagnóstico temprano y preciso de la infección por virus del dengue es esencial para una atención clínica efectiva y el control de brotes. En este estudio, evaluamos el potencial de la espectroscopía Raman como método rápido y libre de marcadores para la detección del dengue en muestras de suero humano.

Métodos: Se obtuvieron perfiles espectrales de muestras confirmadas como positivas y negativas para dengue, seguidos de un preprocesamiento y análisis de datos mediante algoritmos de aprendizaje automático supervisado. El modelo fue entrenado y validado en conjuntos de datos independientes, y su desempeño se evaluó a partir de una matriz de confusión para determinar la precisión de la clasificación.

Resultados: Los resultados preliminares mostraron una alta sensibilidad y especificidad, identificando firmas bioquímicas distintivas asociadas a la infección por dengue. Este enfoque presenta ventajas frente a los métodos diagnósticos convencionales, como una preparación mínima de la muestra, tiempos de respuesta rápidos y el potencial de implementación en campo.

Conclusiones: Nuestros hallazgos respaldan la viabilidad de la espectroscopía Raman como herramienta complementaria para la vigilancia y el diagnóstico clínico del dengue, requiriéndose validaciones adicionales en cohortes más amplias y multicéntricas.

Palabras clave: dengue, espectroscopía Raman, diagnóstico rápido, aprendizaje automático.

THEMATIC AREA: Structural virology.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.205.152>

ACV-2025-040

Mechanisms of HIV Drug Resistance: Survival of the Fittest?

ANTONIO J. ACOSTA-HOYOS¹

¹ Life Sciences Research Center, Simon Bolivar University, Barranquilla (Colombia).

Correspondence: Antonio J. Acosta-Hoyos. antonio.acosta@unisimon.edu.co

ABSTRACT

Introduction: Despite the success of antiretroviral therapy (ART) in transforming HIV from a fatal disease into a manageable chronic condition, the emergence of drug resistance remains a major obstacle to sustained virological suppression.

Methods: This presentation explores the complex interplay of molecular mechanisms driving resistance to nucleoside/nucleotide reverse transcriptase inhibitors (NRTIs), with a focus on excision and discrimination pathways mediated by mutations in the HIV-1 reverse transcriptase (RT).

Results: In addition, we also present evidence that RNase H activity and its modulation by the nucleocapsid (NC) protein—particularly the immature forms NCp9 and NCp15—significantly influence drug resistance by destabilizing the primer-template complex and suppressing excision-based rescue of chain-terminated primers. Using biochemical assays, structural modeling, and a large-scale bioinformatics analysis of over 6,000 viral genomes, we identify specific RT and Gag mutations—including insertions—that may act as compensatory mechanisms for maintaining replication fitness in resistant strains.

Conclusions: Our findings support a systems-level view of HIV replication, highlighting the interconnected roles of RT, NC, and Gag in shaping drug resistance phenotypes. These insights may inform future therapeutic strategies aimed at limiting viral escape and improving ART durability.

Keywords: HIV-1, reverse transcriptase, drug resistance, nucleocapsid, RNase H, excision, NRTIs, viral fitness.

ÁREA TEMÁTICA: Marcadores infección viral.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.205.153>

ACV-2025-041

Evidencia molecular de circulación del genotipo 5 del virus de la leucosis bovina (BLV) en Colombia

MAGDA YOANA BELTRÁN LEÓN^{1,1}, JORGE LUIS ZAMBRANO-VARÓN², ARLEN PATRICIA GÓMEZ³, CAMILA DAZA-LEÓN¹, GLORIA CONSUELO RAMÍREZ NIETO¹

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

² Grupo de Reproducción Animal y Salud de Hato, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá (Colombia).

³ Grupo de Investigación en Microbiología y Epidemiología, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Magda Yoana Beltrán León. mybeltranl@unal.edu.co

RESUMEN

Introducción: El virus de la leucosis bovina (BLV) es un retrovirus Delta oncogénico que infecta al ganado bovino en todo el mundo, causando importantes pérdidas económicas. Aunque existen evidencias de infección en campo en el ganado colombiano, las herramientas de diagnóstico más utilizadas se limitan a pruebas serológicas, las cuales no son suficientes para determinar el estado real de la infección. Adicionalmente, la información disponible, obtenida de estudios serológicos y moleculares, es escasa, desconociéndose en su totalidad la presencia de los genotipos circulantes y su impacto en la presentación de la enfermedad. El objetivo principal de este estudio fue identificar los genotipos de BLV presentes en hatos bovinos colombianos y determinar sus relaciones filogenéticas.

Métodos: Se seleccionaron al azar 132 muestras de sangre total, enviadas al Laboratorio de Biología Molecular y Virología entre octubre de 2017 y junio de 2018, con el fin de establecer la presencia de BLV. Tras la extracción de ADN genómico a partir de leucocitos, se realizó una PCR anidada dirigida a un fragmento de 444 pb de la glicoproteína de superficie gp51. Los productos de amplificación positivos fueron purificados y secuenciados. Las secuencias nucleotídicas obtenidas se analizaron y compararon con cepas de referencia disponibles en bases de datos con el fin de establecer relaciones filogenéticas y determinar los genotipos correspondientes.

Resultados: 25.8 % (34/132) de las muestras fueron positivas para BLV. El análisis filogenético reveló la presencia de los genotipos 1 y 6, previamente reportados en Colombia. Adicionalmente y de manera significativa, también se identificó el genotipo 5, a partir de una muestra recolectada en 2017, lo cual constituye evidencia de su presencia en Colombia.

Conclusión: Este hallazgo sugiere una posible circulación de diversos genotipos en el país, pero subdiagnosticada, y resalta la importancia de los estudios moleculares retrospectivos para entender la dinámica genotípica del BLV.

Palabras clave: leucosis bovina, BLV, diagnóstico molecular, genotipificación.

ÁREA TEMÁTICA: Virus de animales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.205.154>

ACV-2025-042

Identificación molecular del coronavirus felino y sus coinfecciones en felinos domésticos de diferentes centros veterinarios de Colombia

CAROLINA RÍOS-USUGA¹, LINA M RENDÓN-RAMOS¹, INGRID L JARAMILLO-DELGADO¹

¹ Grupo de Investigación de Infectología, Zoonosis y Medio Ambiente, Laboratorio TestMol (GIZMOL), TESTMOL S.A.S - Centro de Diagnóstico Especializado, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Ingrid L. Jaramillo-Delgado. gerencia@testmol.com

RESUMEN

Introducción: El coronavirus felino (FCoV) es un virus ARN que afecta a los gatos a nivel mundial. De este virus se conocen dos tipos biológicos: el virus de la peritonitis infecciosa felina (FIPV), que surge por mutación del coronavirus entérico felino (FECV), el cual genera una enfermedad sistémica, en su mayoría mortal. En Colombia se desconoce la frecuencia de este virus en felinos y sus posibles coinfecciones. El objetivo de este estudio fue evaluar la frecuencia de FCoV y sus coinfecciones en felinos domésticos en Colombia.

Métodos: Se realizó un estudio retrospectivo de bases de datos de muestras enviadas al laboratorio TestMol desde diferentes centros veterinarios para el diagnóstico de varios agentes infecciosos en gatos domésticos mediante qPCR, durante 2024. Se realizó un análisis estadístico descriptivo y bivariado de la infección por FCoV con variables demográficas mediante Jamovi 2.3.21 ($p < 0.05$).

Resultados: De un total de 479 gatos, se observó una frecuencia de FCoV del 4,4 % (21/479). Dentro de los felinos infectados, los machos representaron el 57,1 %, los individuos menores de 12 meses de edad (cachorros), el 52,4 %, mientras que los mayores de 10 años (sénior), el 4,8 %. Las ciudades de Bogotá y Medellín presentaron una frecuencia del virus del 66,7 y 33,3 % del total de positivos, respectivamente. Adicionalmente, se observó coinfección en el 19 % (4/21) de los animales, de los cuales el 50 % de los individuos presentó infección por FCoV+Bartonella spp.+Toxoplasma spp. En el análisis bivariado se encontró asociación entre la infección por el virus con el grupo de cachorros.

Conclusiones: Este estudio permite evidenciar la presencia de FCoV con casos de coinfección en felinos domésticos, y considerando que es una infección viral común en gatos que puede presentar mutaciones que desarrollen otras infecciones mortales, es importante la divulgación de la epidemiología del virus que permita dar seguimiento y control a las poblaciones de felinos.

Palabras clave: felinos, coronavirus felino, qPCR, frecuencia, mutación.

ÁREA TEMÁTICA: Antivirales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.205.155>

ACV-2025-044

Inhibición de la replicación del SARS-CoV-2 por la apitoxina de *Apis mellifera cubana*

YAIME PINO GE¹, ZONIA MARTÍNEZ BENÍTEZ², JESSICA CASTELLANOS PÉREZ²,
DANAY CARRILLO VALDES¹, OTTO CRUZ SU¹, ROILEN CASTAÑO CONCEPCIÓN²,
DAYAMÍ MARTÍN ALFONZO¹, YANIN RODRÍGUEZ HERNÁNDEZ¹,
MARTA DUBED ECHEVARRÍA¹, ENRIQUE NOA ROMERO¹

¹ Centro de Investigaciones Científicas de la Defensa Civil (CICDC) (Cuba).

² Instituto de Farmacia y Alimentos, Universidad de La Habana (Cuba).

Correspondencia: Yaime Pino Ge. ypinoge@gmail.com

RESUMEN

Introducción: El veneno de las abejas (apitoxina) está compuesto por proteínas, péptidos y componentes de bajo peso molecular, con demostrada acción antiviral contra virus envueltos y no envueltos. El objetivo de este trabajo fue determinar la capacidad de la apitoxina de *Apis mellifera* cubana de inhibir la replicación del SARS-CoV-2.

Métodos: Para determinar la actividad antiviral de la apitoxina de *Apis mellifera* cubana, se establecieron las condiciones de solubilidad de la apitoxina; para ello se preparó una solución de apitoxina a 500 mg/mL en diferentes solventes con rango de pH de 7.2 a 4.0; la toxicidad de estas soluciones se evaluó en células Vero E6 (ATCC[®] CRL-1586[™]). Para determinar la concentración citotóxica media de la apitoxina, se emplearon células Vero E6 en suspensión, a concentración de 2×10^4 y 3×10^4 células/pozo, por los métodos de visualización al microscopio óptico invertido y colorimétrico con rojo neutro. La capacidad de la apitoxina de *Apis mellifera* cubana de inhibir la replicación del SARS-CoV-2 se empleó el aislado cubano DC1 cepa D614G (GISAID: EPI_ISL_7495115) empleando las mismas condiciones de cultivo y 100 DICC50 del virus. El porcentaje de inhibición se determinó mediante el método colorimétrico con rojo neutro. Como solución para preparar la apitoxina se seleccionó el medio MEM sin bicarbonato (pH4), sin afectar la citotoxicidad de la apitoxina.

Resultados: La concentración citotóxica media de la apitoxina de *Apis mellifera* cubana en células Vero E6 fue 42,5 ug/mL. Se logró inhibir la replicación del SARS-CoV-2 por la apitoxina de *Apis mellifera* cubana, mostrando un comportamiento dependiente de la dosis, con niveles de reducción muy significativos con 40 y 35 ug/mL de apitoxina, con porcentajes de inhibición del 42.8 y 67.4 %, respectivamente.

Conclusiones: Por primera vez se demostró en Cuba la capacidad de la apitoxina de la *Apis mellifera* cubana de inhibir la replicación del virus SARS-CoV-2.

Palabras clave: pitoxina, *Apis mellifera* cubana, SARS-CoV-2, solubilidad, citotoxicidad, inhibición replicación.

ÁREA TEMÁTICA: Biotecnología.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.205.156>

ACV-2025-045

Efectividad del medio de transporte viral inactivado (BioCen) para la conservación del material genético del SARS-CoV-2

DANAY CARRILLO VALDÉS¹, ALEXIS LABRADA ROSADO², MELANIE CANAL VIERA²,
OTTO CRUZ SUI¹, LIUBER YANS MACHADO ZALDÍVAR¹,
JULIET MARÍA ENRIQUEZ PUERTAS¹, ENRIQUE NOA ROMERO¹

¹ Centro de Investigaciones Científicas de la Defensa Civil (CICDC) (Cuba).

² Centro de Nacional de Biopreparados (BioCen) (Cuba).

Correspondencia: Danay Carrillo Valdés. carrillovaldesdanay@gmail.com

RESUMEN

Introducción: El Centro Nacional de Biopreparados (BioCen) desarrolló el medio de transporte viral inactivado (Medio TAN); su diseño persigue la recolección, transporte e inactivación de las muestras nasofaríngeas desde el sitio clínico hasta los laboratorios de biología molecular donde se realizará el diagnóstico. Una exigencia regulatoria para su introducción, es demostrar la capacidad de estos medios de conservar el material genético del agente infeccioso. El objetivo de este trabajo fue demostrar la capacidad del Medio TAN (BioCen) de inactivar el virus SARS-CoV-2 y conservar el material genético.

Métodos: El Medio TAN (BioCen) se retó con diferentes dosis infecciosas de aislados cubanos de las cepas D614G y Omicron BA1.2. Se determinó la estabilidad del medio de transporte a temperatura ambiente durante catorce días y se evaluó mediante RT-PCR en tiempo real. Se empleó como control el medio de transporte viral (BTV) (BioCen). Se emplearon estadígrafos descriptivos como media y desviación estándar, y para estimar las diferencias entre las medias de los valores de Ct se empleó el análisis de varianza unidireccional (ANOVA), el ensayo de comparación múltiple de Tukey para datos no pareados y el ANOVA de dos vías para datos independientes.

Resultados: El Medio TAN fue capaz de inactivar el virus SARS-CoV-2, sin diferencia entre ambas cepas, y la estabilidad del material genético no se afectó por el almacenamiento a temperatura ambiente; a diferencia del medio BTV, que posterior a los 4 días a temperatura ambiente no garantiza la estabilidad del material genético del virus.

Conclusiones: Las propiedades inactivantes del Medio TAN (BioCen) y su almacenamiento a temperatura ambiente, lo hacen idóneo para su aplicación masiva en sitios clínicos alejados de los laboratorios de biología molecular y ser empleado en la toma de muestras en situación de enfermedades asociadas a graves epidemias.

Palabras clave: medio de transporte viral inactivado, SARS-CoV-2, inactivación viral, conservación del material genético.

ÁREA TEMÁTICA: Zoonosis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.205.157>

ACV-2025-046

Caracterización del virus de influenza aviar H5N1 de alta patogenicidad en aves diagnosticadas con influenza aviar en Cuba

ROISLEN CASTAÑO CONCEPCIÓN¹, CARMEN LAURA PERERA GONZÁLEZ²,
ANIBAL DOMÍNGUEZ ODIO³, HORASKI MARTÍNEZ CARVAJAL¹,
LIUBER YANS MACHADO ZALDÍVAR¹, MAYELIN PANEQUE ZAYAS³,
DANAY CARRILLO VLADÉS¹, MADELIN BLANCO DE ARMAS¹,
ADRIANA MESA DELGADO¹, YAIME PINO GE¹, OTTO CRUZ SUI¹,
NIVIAN MONTES DE OCA MARTÍNEZ², ENRIQUE NOA ROMERO¹

¹ Centro de Investigaciones Científicas de la Defensa Civil (CICDC), Cuba.

² Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria (CENSA), Cuba.

³ Grupo Empresarial de Producciones Biofarmaceuticas y Químicas (Labiofam), Cuba.

Correspondencia: Roislen Castaño Concepción. roislenc24@outlook.es

RESUMEN

Introducción: El subtipo H5N1 de alta patogenicidad del virus de la influenza aviar está afectando masivamente a la fauna silvestre, con distribución geográfica mundial. El objetivo de este trabajo fue caracterizar el virus autóctono H5N1, altamente patogénico, aislado en Cuba en 2023.

Métodos: Se determinó la patogenicidad por inoculación en huevos embrionados libres de patógenos, se colectó el líquido alantoideo de los embriones muertos y se determinó el título hemaglutinante. Se evaluó la capacidad de replicarse en las células MDCK (ATCC-CCL-34). Se empleó medio MEM suplementado con 5 % de suero fetal bovino y tripsina (2 µg/mL) y sin tripsina. Se determinaron las dosis infecciosas media en cultivo de células (DICC50/mL) por el método de microtitulación en placas de 96 pozos. Se empleó como control, en ambos estudios, la cepa de influenza aviar H5N9, de baja patogenicidad.

Resultados: La letalidad de los aislados cubanos H5N1 en los huevos embrionados fue del 80 % a las 24 horas (título hemaglutinante 1:1280) y del 100 % a las 48 horas de inoculación (título hemaglutinante 1:2560); mientras que la cepa H5N9, de baja patogenicidad, alcanzó una letalidad del 70 % entre las 96 y 120 horas de inoculación (título hemaglutinante 1:640). En los cultivos de MDCK inoculados con las cepas H5N1 de alta patogenicidad se observó efecto citopático al cuarto día de cultivo; tanto en los cultivos con tripsina y sin esta, alcanzando un título de $10^{5.8}$ DICC50 (medio con tripsina) y $10^{6.2}$ DICC50 (medio sin tripsina). En los cultivos inoculados con la cepa H5N9, de baja patogenicidad, solo se observaron ligeros cambios morfológicos en presencia de tripsina (título viral 102 DICC50).

Conclusiones: La caracterización del virus H5N1, de alta patogenicidad, aislado en Cuba permite establecer estrategias para el desarrollo de capacidades de diagnóstico y de vacunas para el enfrentamiento de la influenza aviar.

Palabras clave: virus influenza aviar H5N1, Cuba, aislamiento viral, patogenicidad, título viral, cultivo celular.

ÁREA TEMÁTICA: Vacunas.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.205.158>

ACV-2025-047

Adecuada respuesta de anticuerpos neutralizantes frente a la variante ómicron del SARS-CoV-2 en población cubana vacunada

ENRIQUE NOA ROMERO¹, ALICIA SIMÓN PEÑA², DANAY CARRILLO VALDÉS¹,
YAIME PINO GE¹, ROILEN CASTAÑO CONCEPCIÓN¹, NEYSI VALDEZ DE CALZADILLA¹,
HORASKI MARTÍNEZ CARVAJAL¹, HÉCTOR MANUEL DÍAZ TORRES³,
KAREN VALDÉS ÁLVAREZ³, LIUBER YANS MACHADO ZALDÍVAR¹,
MIREIDA RODRÍGUEZ ACOSTA¹, OTTO CRUZ SUI¹, IRIS ANA ROJAS GARCÍA¹,
YANICET ROSELL LA ROSA¹

¹ Centro de Investigaciones Científicas de la Defensa Civil (CICDC), Cuba.

² Hospital Militar General “Dr. Carlos J Finlay”, Cuba.

³ Hospital Clínico Quirúrgico “Hermanos Ameijeiras”, Cuba.

Correspondencia: Alicia Simón Peña. aliciasimon@gmail.com

RESUMEN

Introducción: La transmisión rápida y generalizada del SARS-CoV-2 ha llevado a la aparición de múltiples variantes de preocupación; y en particular la variante ómicron, que continúa evolucionando y diversificándose en sublinajes, provocando oleadas de infección a escala mundial y el escape inmunológico. El objetivo de este trabajo fue determinar la respuesta de anticuerpos neutralizantes frente a las variantes ómicron del SARS-CoV-2.

Métodos: Muestras de ochenta individuos adultos inmunocompetentes, con esquema de vacunación con las vacunas cubanas contra la COVID-19 y con dos dosis de refuerzo; se les determinó el título de anticuerpos neutralizantes frente a los sublinajes de ómicron: BA1.2 (GISAID: EPI_ISL_12691753), BA5.2 (GISAID: EPI_ISL_17788608) y XBB1.6 (GISAID: EPI_ISL_17789347 y contra la cepa D614G (GISAID: EPI_ISL_7495115), empleando un ensayo de neutralización con virus vivo estandarizado y validado en el CICDC. La media geométrica de los títulos de anticuerpos neutralizantes contra los sublinajes de ómicron se comparó con los de D614G, aplicando el estadígrafo de Friedman y el ensayo de comparaciones múltiples de Dunn.

Resultados: El 100 % de los sueros fueron capaces de neutralizar a D614G y los sublinajes, de ómicron BA1.2 y BA5.2; mientras cinco muestras no neutralizaron el sublinaje XBB1.6 (6.25 %). La disminución del título de anticuerpos neutralizantes de los sublinajes de ómicron BA1.2 y BA5.2 con respecto a D614G, fue de 1,2 log y 1,45 log, respectivamente ($p < 0.01$) y mayor a 6 log para XBB1.6 ($p < 0.001$). Se observó un incremento de las muestras con títulos neutralizantes ≤ 40 con la evolución de los sublinajes de ómicron: 26.3 % BA1.2 (21/80); 23.8 % BA5.2 (19/80) y 78.7 % XBB1.6 (59/75); mientras para D614G solo fue del 11.2 % (6/80).

Conclusiones: Estos resultados corroboran que los anticuerpos neutralizantes generados por las vacunas cubanas Abdala y Soberna® mantienen un adecuado nivel de inmunidad frente a la variante ómicron del SARS-CoV-2.

Palabras clave: SARS-CoV-2, ómicron, vacunas, anticuerpos neutralizantes, inmunidad.

ÁREA TEMÁTICA: Hepatitis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.205.159>

ACV-2025-048

Análisis bioinformático del gen de la polimerasa del virus de la hepatitis B en muestras de individuos colombianos no sometidos a tratamiento antiviral

NORIS PIMIENTA DE ARMAS¹, NÉSTOR MONTOYA-PÉREZ¹,
MARÍA CRISTINA NAVAS², FABIÁN CORTÉS-MANCERA¹

¹ Grupo de Investigación e Innovación Biomédica, Facultad de Ciencias Exactas y Aplicadas, Instituto Tecnológico Metropolitano, Medellín (Colombia).

² Grupo de Gastrohepatología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Fabian Cortes-Mancera. fabiancortes@itm.edu.co

RESUMEN

Introducción: La infección por el virus de la hepatitis B (VHB) representa un factor de riesgo para el desarrollo de carcinoma hepatocelular (HCC). La Organización Mundial de Salud (OMS) estima que existen 254 millones de individuos infectados a nivel global. El VHB se clasifica en la familia *Hepadnaviridae*. Este virus se caracteriza por tener un genoma de ADN de doble cadena parcial (rcDNA) de 3.2kb y por la incorporación de sustituciones nucleotídicas debido a la falta de actividad correctora de la polimerasa viral (HBpol). Esta variabilidad le imprime una gran diversidad genética, representada en la circulación de 9 genotipos caracterizados (designados A-I). Aunque existen nucleós(t)idos análogos aprobados para el uso clínico como terapia antiviral, mutaciones en la secuencia que codifica la polimerasa viral (HBpol) pueden reducir su eficacia. En este contexto es de alta relevancia identificar la circulación de variantes de resistencia antiviral en países y regiones endémicos.

Métodos: Se estudiaron secuencias disponibles de VHB (GenBank; NCBI) a partir de aislados obtenidos en poblaciones colombianas sin evidencia de tratamiento antiviral previo. Se alinearon las secuencias de ADN viral (Clustalw), luego se dedujeron las secuencias de aminoácidos y se limitaron al dominio de la transcriptasa inversa de HBpol (MEGA X, BioEdit v7). Posteriormente, se realizó un análisis comparativo de secuencias para identificar sustituciones y estimar la frecuencia.

Resultados: De las 120 secuencias incluidas en este análisis, el genotipo F fue el más frecuente, seguido por los genotipos E y A. Se detectaron 23 sustituciones, algunas asociadas con resistencia antiviral contra terapias de primera línea disponibles en Colombia. Hubo diferencias en la tasa de mutación por genotipo y grupo de población analizada.

Conclusiones: Se sugiere la realización de estudios *in vitro* para establecer el significado biológico de la combinación de mutaciones observadas.

Palabras clave: VHB, genotipo, mutación, nucleós(t)ido análogo, población general.

ÁREA TEMÁTICA: Hepatitis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.205.160>

ACV-2025-049

Mutaciones preexistentes en el dominio transcriptasa de la polimerasa del virus de hepatitis B en muestras de comunidades indígenas de Suramérica

PIMIENTA-DE ARMAS NORIS¹, JARAMILLO-HERRERA MARIANA²,
NAVAS MARIA-CRISTINA³, CORTÉS-MANCERA FABIÁN¹

¹ Grupo de Investigación e Innovación Biomédica GI2B, Facultad de Ciencias Exactas y Aplicadas, Instituto Tecnológico Metropolitano, Medellín (Colombia).

² Programa de Ingeniería Biomédica, Facultad de Ciencias Exactas y Aplicadas, Instituto Tecnológico Metropolitano, Medellín (Colombia).

³ Grupo de Gastrohepatología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Fabián Cortés-Mancera. fabiancortes@itm.edu.co

RESUMEN

Introducción: La infección por el virus de la hepatitis B (VHB) es prevalente en poblaciones indígenas de América del Sur, especialmente en comunidades que habitan la cuenca del Amazonas. El VHB se caracteriza por la alta variabilidad genética debido a la falta de actividad de correctora 5'-3' de la polimerasa viral (HBpol). Las condiciones socioculturales, geográficas y económicas de los pueblos indígenas se consideran limitaciones y obstáculos importantes para el diagnóstico y tratamiento de los casos de infección por VHB; por lo tanto, la vigilancia de las mutaciones preexistentes de resistencia antiviral puede contribuir en las directrices de salud pública orientadas en control de la hepatitis B en estas poblaciones vulnerables.

Métodos: Secuencias de VHB caracterizadas en población indígena de América del Sur se extrajeron del repositorio GenBank (NCBI). Una vez alineadas las secuencias de nucleótidos (Muscle, MEGA X), se dedujeron las secuencias de aminoácidos de acuerdo con el marco de lectura de HBpol. Las secuencias se limitaron al dominio que codifica la transcriptasa inversa de HBpol. Luego, se revisaron 40 posiciones con respecto a secuencias prototipos del VHB.

Resultados: El análisis de 60 secuencias del VHB, correspondientes a estudios en comunidades indígenas de Venezuela, Brasil, Argentina y Colombia, permitió establecer que la mayoría pertenecían al genotipo F, seguido de los genotipos A y C. Al alinear las secuencias de aminoácidos deducidas del dominio transcriptasa inversa de HBpol, se identificaron 19 mutaciones de ocurrencia natural, algunas de ellas directamente asociadas con la resistencia a la terapia antiviral con Adefovir y Lamivudina.

Conclusiones: Se justifica un análisis adicional y más amplio para estimar el impacto de estas mutaciones de VHB en la historia natural y el tratamiento de casos de infección en pueblos originarios de América del Sur.

Palabras clave: VHB, polimerasa, resistencia antiviral, indígenas.

THEMATIC AREA: Hepatitis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.205.161>

ACV-2025-050

Prevalence of Hepatitis B and C Markers Among Waste Pickers at the Marmolejo Dumpsite, Quibdó, Chocó, Colombia

LILIAN DARIANNY AGUALIMPIA ASPRILLA¹, MÓNICA LUCÍA SOTO-VELÁSQUEZ²,
MARIA CRISTINA NAVAS³

¹ Estudiante, Maestría en Seguridad y Salud en el Trabajo, Universidad de Antioquía,
Medellín (Colombia).

² Facultad Nacional de Salud Pública, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

³ Grupo Gastrohepatología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín
(Colombia).

Correspondence: Maria Cristina Navas. maria.navas@udea.edu.co

ABSTRACT

Introduction: Urban solid waste pickers are at risk of biological hazards through exposure to sharps and body fluids. In Brazil, hepatitis B virus (HBV) marker prevalence in this group ranges from 4.3% to 33.4% and hepatitis C virus (HCV) markers from 1.6% to 12.4%, exceeding general population levels. In Colombia, no prevalence data exist for this occupational group. In Chocó Department in 2015, HBsAg prevalence was reported at 2.2%.

Methods: We conducted a cross-sectional census in 2024 including 64 active waste pickers at the Marmolejo dumpsite in Quibdó, Chocó, in the Pacific region in Colombia (49 Afro-Colombians, 3 Indigenous). Sociodemographic and occupational data were collected. Venous blood samples were drawn on-site, centrifuged, and refrigerated before processing. In 47 waste pickers, HBsAg was determined with the H&M test HBsAg RST rapid assay, and anti-HCV with the Bioline™ HCV rapid test. The study was approved by the Ethics Committee of the National School of Public Health. A logistic regression analysis did not find a difference in the group of 47 versus the group of 20 who did not allow the test to be developed.

Results: The median age was 38 years (IQR: 28–49); median time in the trade was 10 years (IQR: 3–16); 40 were women. In the previous year, 54 reported work accidents, 17 involving sharps; 29 used gloves and 37 boots in fair/good condition. Usage of alcohol, tobacco, and marijuana were 48.4%, 23.4%, and 3.1%, respectively; none reported injecting drug use. Illiteracy was 21.9%; 80.6% had health insurance, only one had access to pension, and none had occupational risk coverage. A total of 59.4% were from Chocó and 84.4% had at least one family member also working at Marmolejo. HBsAg and anti-HCV prevalences were both 0% (95% CI: 0–7.5%).

Conclusions: The 95% confidence intervals (0.0–7.5%) suggest that the true prevalence is at the lower levels of the estimates from similar Brazilian populations. This may reflect the long-standing national HBV vaccination program and the absence of injecting drug use. Nonetheless, high occupational risk was evident underscoring the need to sustain hepatitis prevention and integrate screening within the healthy environment strategy to prevent future viral introduction and transmission.

Keywords: hepatitis B, hepatitis C, dumpsites.

ÁREA TEMÁTICA: Vacunas.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.303.861>

ACV-2025-052

Impacto de la vacuna de hepatitis A en la reducción del peso de la enfermedad en Bogotá: análisis epidemiológico cohorte 2009-2023

ALEJANDRO RICO-MENDOZA¹, MARÍA-CRISTINA NAVAS²,
ALEXANDRA PORRAS-RAMÍREZ¹

¹ Grupo de Medicina Comunitaria y Salud Colectiva, Universidad El Bosque, Bogotá (Colombia).

² Grupo de Gastrohepatología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: María-Cristina Navas. maria.navas@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: La infección por virus de la hepatitis A (VHA) continúa siendo un problema de salud pública en algunas regiones. Aunque la mayoría de los casos en niños son asintomáticos, en adultos se pueden presentar complicaciones graves. La vacuna contra la hepatitis A es una estrategia efectiva incluida en el Programa Ampliado de Inmunización en Colombia desde 1993.

Métodos: Este estudio evaluó el impacto de la vacuna contra la hepatitis A en Bogotá entre 2009 y 2023. El análisis se realizó estableciendo una serie temporal ecológica retrospectiva de datos secundarios del Sivigila y los informes oficiales de coberturas de vacunación. Los casos estimados se proyectaron en ausencia de vacunación, considerando un crecimiento de la población del 1,2 % y una tasa de incidencia anual del 0,075 %. Se asumió una eficacia a nivel de cohorte del 97,6 %. La asociación entre la cobertura de vacunación y los casos evitados se realizó con correlación de Pearson y regresión de Poisson.

Resultados: El rango de notificación fue de 133 y 527 casos al año en el periodo 2009 a 2023; y la cobertura de vacunación entre 77,9 y 95,4 %. Sin vacuna, el número de casos hubiera sido de 4994 a 6254. Los casos que lograron prevenirse variaron entre 4467 y 6121 al año. Se observó una correlación significativa inversa entre la cobertura de vacunación y los casos evitados ($r = -0,75$, $p = 0,003$). La regresión de Poisson demostró que el cambio porcentual ajustado en los casos evitados fue del 0,84 % ($p < 0,001$) por cada aumento del 1% en la cobertura de vacunación.

Conclusiones: la vacunación en Bogotá ha logrado una disminución significativa del riesgo de infección por VHA. Se sugiere la necesidad de seguir invirtiendo en una alta cobertura vacunal y en el seguimiento de la protección específica de la cohorte.

Palabras clave: VHA, vacunación, peso de la enfermedad, cohorte.

ÁREA TEMÁTICA: Virología estructural.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.303.862>

ACV-2025-053

Evaluación *in silico* del potencial impacto de microplásticos sobre la replicación viral y la eficacia terapéutica en el VIH-1

DIANA MARYORY GÓMEZ-GALLEGO¹, SANTIAGO RENDON-MARIN², MANUEL OSPINA-MEJÍA³, NATALIA TABORDA², JUAN C. HERNÁNDEZ¹

1 Grupo Infettare, Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Medellín (Colombia).

2 Grupo de Investigaciones Biomédicas Uniremington, Facultad de Ciencias de la Salud, Programa de Medicina, Corporación Universitaria Remington, Medellín (Colombia).

3 Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Diana Maryory Gómez-Gallego. diana.gomezga@campusucc.edu.co

RESUMEN

Introducción: Los microplásticos (MP) son contaminantes ambientales detectados en tejidos y fluidos humanos. Se ha demostrado que actúan como vehículos para virus, aumentando su estabilidad y capacidad de interacción con células huésped. Sin embargo, su posible rol en la infección por VIH-1 no ha sido explorado. El VIH continúa siendo un problema prioritario de salud pública global, cuyo tratamiento depende de antirretrovirales que inhiben proteínas virales clave. En este contexto, los MP podrían interactuar con estas proteínas, afectando tanto la replicación viral como la eficacia terapéutica. Este estudio propone un análisis *in silico* para evaluar esta hipótesis.

Métodos: Se seleccionaron tres proteínas del VIH-1: gp120, integrasa y proteasa. Las estructuras tridimensionales de gp120 e integrasa fueron modeladas con AlphaFold, mientras que la proteasa se obtuvo del Protein Data Bank. Todas fueron validadas mediante ProSA-web y SwissModel, y se definieron sitios de interacción con PeptiMap. Se emplearon como ligandos el estireno y tereftalato de polietileno (PET), y antirretrovirales específicos como control positivo: Fostemsavir, Dolutegravir y Ritonavir. Se realizó análisis de acoplamiento molecular con HADDOCK y SwissDock para evaluar la interacción de proteínas y ligandos, y simulaciones de dinámica molecular para determinar la estabilidad en el tiempo.

Resultados: Los antirretrovirales mostraron las mayores afinidades (HADDOCK score: -48 a -55; SwissDock: ΔG hasta -7.6 kcal/mol). El PET exhibió afinidades moderadas hacia las tres proteínas (-6.4 a -5.5 kcal/mol), compartiendo sitios de unión con los fármacos. El estireno mostró afinidades menores y menos consistentes.

Conclusiones: Este estudio sugiere que ciertos MP, especialmente PET, podrían actuar como interferentes estructurales o competidores pasivos, afectando, por un lado, la interacción fármaco-proteína y, por otro, estableciendo contactos directos con proteínas virales que podrían influir en la replicación del VIH-1. Estos hallazgos abren nuevas preguntas sobre el impacto ambiental en la progresión y tratamiento de la infección por VIH.

Palabras clave: VIH-1, acoplamiento molecular, dinámica molecular, microplásticos, replicación viral, antirretrovirales.

ÁREA TEMÁTICA: Patogénesis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.303.863>

ACV-2025-054

Efecto inmunomodulador de la vitamina D en la tormenta de citocinas inducida por SARS-CoV-2 en monocitos y macrófagos humanos

JUAN FELIPE VALDÉS-LÓPEZ^{1,2}, DIANA DI FILIPPO¹, SHARON PENAGOS¹,
LADY JOHANNA HERNANDEZ², JOHANNA C. ARROYAVE-OSPINA¹,
SILVIO URCUQUI-INCHIMA², WBEIMAR AGUILAR-JIMÉNEZ², MARÍA-CRISTINA NAVAS¹

¹ Grupo Gastrohepatología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

² Grupo Inmunovirología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: María-Cristina Navas. maria.navas@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: La infección por SARS-CoV-2 puede desencadenar enfermedad grave con un desenlace fatal en una proporción de los pacientes que se caracteriza con una desregulación de la respuesta inmune y una tormenta de citocinas, en la que la interleucina-6 (IL-6) desempeña un papel central, exacerbando la inflamación y el daño tisular. Se ha demostrado que la vitamina D (VD) posee propiedades inmunomoduladoras en infección viral, aunque su impacto en la infección por SARS-CoV-2 no ha sido completamente elucidado. El objetivo de este trabajo es evaluar el efecto de la VD en la producción de citocinas inflamatorias en monocitos y macrófagos humanos estimulados con partículas inactivadas de SARS-CoV-2.

Métodos: Se cultivaron monocitos y macrófagos, derivados de células U937, en presencia de partículas de SARS-CoV-2 (linaje B.1), previamente inactivadas con luz UV. Las células fueron tratadas con VD antes, durante y después de la exposición a las partículas inactivadas. La producción de citocinas proinflamatorias se cuantificó mediante citometría de flujo (kit CBA). Los datos de dos experimentos independientes, cada uno con tres réplicas técnicas, se analizaron mediante la prueba de Kruskal-Wallis con un *post hoc* de Dunn para determinar significancia estadística.

Resultados: De las citocinas proinflamatorias evaluadas, se observó que el tratamiento con VD redujo significativamente los niveles de IL-6 tanto en condiciones de adición de VD durante y después del cultivo con las partículas inactivadas ($p < 0.05$); lo que sugiere un efecto modulador sobre la respuesta inmune innata a la infección por SARS-CoV-2.

Conclusiones: La VD regula la producción de IL-6 en monocitos y macrófagos humanos expuestos a partículas inactivadas de SARS-CoV-2, indicando su potencial como coadyuvante terapéutico para atenuar la tormenta de citocinas en COVID-19 grave. Estos hallazgos respaldan futuros ensayos clínicos que exploren el uso de VD en el manejo de la hiperinflamación inducida por el virus.

Palabras clave: COVID-19, SARS-CoV-2, citocinas, inflamación, vitamina D, monocitos, macrófagos.

ÁREA TEMÁTICA: Virología estructural.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.303.864>

ACV-2025-055

Evaluación *in silico* de la interacción de sulfasalazina con proteínas del VIH-1 y componentes del inflammasoma

MANUEL OSPINA-MEJÍA^{1,2,3}, SANTIAGO RENDÓN-MARÍN², JUAN C. HERNÁNDEZ³,
NATALIA A. TABORDA²

¹ Universidad Pontificia Bolivariana (UPB), Medellín (Colombia).

² Grupo de Investigaciones Biomédicas Uniremington, Programa de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Corporación Universitaria Remington, Medellín (Colombia).

³ Grupo de investigación Infettare, Universidad Cooperativa de Colombia, Medellín (Colombia). 5 Grupo Inmunovirología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Natalia A. Taborda. natalia.taborda@uniremington.edu.co

RESUMEN

Introducción: La infección por el VIH-1 continúa siendo un desafío global. Este virus induce una inflamación crónica multisistémica, que se establece desde el inicio de la infección y persistente durante la fase crónica. A pesar de que la terapia antirretroviral es altamente efectiva en el control de la replicación viral, la activación inmune persiste, generando patologías de carácter inflamatorio, por lo que se hace necesario evaluar terapias inmunomoduladoras con potencial uso como complemento de la terapia antirretroviral. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue determinar potenciales interacciones moleculares *in silico* entre la sulfasalazina (SSZ) y moléculas relacionadas con la infección por VIH-1.

Métodos: Se seleccionaron estructuras cristalográficas de alta resolución ($<2\text{\AA}$) del Protein Data Bank. Los potenciales sitios de interacción se determinaron con Peptimap y las energías de unión mediante AutoDock-Vina, Expassy-Swiss y HADDOCK2.4. Se empleó la SSZ y blancos proteicos, incluyendo: factores antivirales (α -defensinas, β -defensina-2, APOBEC3G y TRIM- α); citoquinas proinflamatorias (IL-1 β , IL-6, IL-8, IL-15, IL-18 y TNF- α); inflamasomas (NLRC4, NLRP3 y AIM2) y proteínas virales (gp120, gp41, integrasa y proteasa). Finalmente, se realizaron simulaciones de dinámica molecular con GROMACS para observar la estabilidad en el tiempo.

Resultados: Se encontró una afinidad homogénea en los tres *softwares* de acoplamiento para APOBEC3G con valores de -8 kcal/mol en AutoDock Vina, -7,91 kcal/mol en Expassy-Swiss y -60,7 HADDOCK score. Los demás blancos mostraron resultados heterogéneos con las herramientas computacionales empleadas. Respecto a la dinámica molecular, las moléculas con menor variación en el RMSD fueron la IL-6, IL-15 y la proteína viral gp41, con variaciones de máximo 0,5 nm en 50 ns.

Conclusiones: Los resultados de acoplamiento mostraron alta concordancia para APOBEC3G, lo cual sugiere una afinidad robusta. La estabilidad observada para IL-6, IL-15 y gp41 mediante dinámica molecular sugiere interacciones estables. Estos hallazgos destacan a APOBEC3G, IL-6, IL-15 y gp41 como candidatos prometedores para estudios posteriores *in vitro*.

Palabras clave: inflamación, VIH, antirretrovirales, inmunología.

ÁREA TEMÁTICA: Zoonosis

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.303.865>

ACV-2025-056

Detección de coronavirus y paramixovirus en murciélagos en cuevas: uso de métodos no letales para la vigilancia epidemiológica

GABRIELA PEÑA BELLO¹, JULIANA HERRERA RUIZ¹, ANA MARÍA SÁNCHEZ ZAPATA¹,
CRISTINA ÚSUGA MONRROY², DAISY A. GÓMEZ-RUIZ^{1,2}

¹ Bat Conservation International, Austin (Estados Unidos).

² Grupo Ginver, Facultad de Medicina Veterinaria, Corporación Universitaria Remington, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Daisy A. Gómez-Ruiz. daisy.gomez@uniremington.edu.co

RESUMEN

Introducción: Los coronavirus y los paramixovirus son grupos virales de gran diversidad genética presentes en murciélagos. Ambos grupos mantienen una relación evolutiva de coexistencia con sus hospedadores. Debido a su potencial zoonótico, en las últimas décadas se ha incrementado su estudio. La circulación, la secreción activa y los posibles eventos de enfermedad de estos virus están asociados a procesos fisiológicos de los individuos portadores, los cuales son poco conocidos en algunas interacciones. Entender estos procesos es fundamental para fortalecer su seguimiento epidemiológico en poblaciones naturales. En esta investigación evaluamos la presencia y prevalencia de coronavirus y paramixovirus, y su potencial riesgo para la salud humana, en poblaciones naturales de murciélagos en un sistema de cuevas turísticas en Santander.

Métodos: Los murciélagos fueron capturados mediante redes de niebla en dos sesiones de campo entre abril y junio 2025. Para cada individuo capturado se registraron datos morfométricos, estado reproductivo y se colectó una muestra de saliva con hisopado bucal, conservado en RNAlater y transportado en nitrógeno líquido. Se realizó la extracción de ARN y la amplificación por qPCR (un solo paso) empleando primers previamente descritos para la detección de virus de las familias Coronaviridae y Paramixoviridae en murciélagos.

Resultados: De un total 130 muestras colectadas se han procesado 22 asociadas a cinco especies de hospederos de las familias Phyllostomidae, Vespertilionidae y Natalidae. El 23 % de las muestras procesadas fueron positivas para especies de paramixovirus y el 45 % para especies de coronavirus. Estudios previos en Colombia, empleando métodos letales, han detectado la presencia de coronavirus en Córdoba y Casanare, con prevalencias similares en los ensamblajes de Córdoba.

Conclusiones: Este trabajo constituye el primer reporte de la presencia de paramixovirus en murciélagos para el país y resalta la utilidad de métodos no letales (hisopado bucales) para la detección y monitoreo de virus con potencial zoonótico en murciélagos neotropicales.

Palabras clave: coronaviridae, paramixoviridae, hisopado bucal, murciélagos.

ÁREA TEMÁTICA: Hepatitis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.303.866>

ACV-2025-058

Mutaciones en el ORF de la polimerasa del virus de la hepatitis B en muestras de pacientes con infección crónica

LAURA ISABEL MONTOYA MARTÍNEZ¹, ISABELA PALACIO GAVIRIA¹,
JOSÉ ALEJANDRO RAMÍREZ SUÁREZ¹, MELISSA MONTOYA GUZMÁN¹,
JUAN CARLOS RESTREPO^{1,2}, MAURICIO ORREGO³, MARÍA CRISTINA NAVAS¹

¹ Grupo Gastrohepatología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

² Unidad de Hepatología, Hospital Pablo Tobón Uribe, Medellín (Colombia).

³ Clínica las Vegas, Medellín (Colombia).

Correspondencia: María Cristina Navas. maria.navas@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: La infección crónica por el virus de la hepatitis B (VHB) es un factor de riesgo de hepatopatías terminales a nivel global. El tratamiento antiviral disponible permite el control de la replicación de VHB, aunque no el aclaramiento viral; en principio es necesario un esquema de tratamiento a término indefinido con la posibilidad de selección de mutaciones en el genoma viral asociadas a resistencia. El objetivo es identificar mutaciones en el ORF pol del VHB en muestras de pacientes con diagnóstico de hepatitis B crónica con o sin historia de tratamiento antiviral.

Métodos: Se realizó un estudio en muestras de sangre obtenidas de 25 pacientes con diagnóstico de hepatitis B crónica, de los cuales 16 no habían recibido tratamiento antiviral. Luego de la extracción de ADN a partir de las muestras de suero utilizando un kit comercial, se amplificó el ORF P del genoma del VHB mediante PCR anidada y PCR en tiempo real. Se realizó secuenciación con el método Sanger y se analizó la presencia de mutaciones con BioEdit, MEGA 11 y Geno2Pheno.

Resultados: En 4/25 (16 %) muestras se amplificó el ORF P del genoma del VHB; las 4 muestras corresponden a individuos con hepatitis B crónica sin historia de tratamiento antiviral. En estas muestras no se identificaron mutaciones primarias o secundarias asociadas a resistencia al antiviral, análogo de nucleósido, entecavir (ETV); se identificaron 10 cambios de aminoácidos en el dominio RT del ORF Pol rtH35Q, rtS259A, rtT38A, rt126Y, rtF151Y, rtR153W, rtE271H, rtC332S, rtD134Y y rtN139H.

Conclusiones: Este estudio permitió demostrar la ausencia de mutaciones asociadas a resistencia entecavir en muestras de pacientes con hepatitis B crónica sin historia de tratamiento antiviral. Aunque se identificaron 10 cambios de aminoácidos en la región RT del ORF P.

Palabras clave: hepatitis B, antivirales, entecavir, mutación, ORFP, hepatitis B crónica.

THEMATIC AREA: Emerging viruses.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.303.867>

ACV-2025-059

***In Silico* Evaluation of Natural Compounds as Inhibitors of the Oropouche Virus Gc Glycoprotein**

CARLOS VARGAS-ECHEVERRÍA^{1,2}, OSCAR SAURITH-CORONELL^{1,2},
JUAN RODRIGUEZ-MACÍAS³, EDGAR A. MÁRQUEZ BRAZÓN², JOSÉ R. MORA⁴,
FABIO FUENTES-GANDARA⁵, JOSÉ L. PAZ⁶, FRANKLIN SALAZAR⁷

¹ Department of Medicine, Health Sciences Division, Universidad del Norte, Barranquilla (Colombia).

² Research Group in Chemistry and Biology, Department of Chemistry and Biology, Universidad del Norte, Barranquilla (Colombia).

³ Faculty of Health, Exact and Natural Sciences, Universidad Libre, Barranquilla (Colombia).

⁴ Computational and Theoretical Chemistry Group (QCT-USFQ), Universidad San Francisco de Quito, Quito (Ecuador).

⁵ Department of Natural and Exact Sciences, Universidad de la Costa, Barranquilla (Colombia).

⁶ Academic Department of Inorganic Chemistry, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Lima (Peru).

⁷ Centro de Química “Dr. Gabriel Chuchani”, IVIC, Caracas (Venezuela).

Correspondencia: Carlos Vargas-Echeverría. vargasce@uninorte.edu.co

ABSTRACT

Introduction: Oropouche virus (OROV) is an emerging orthobunyavirus in the Americas with no approved antiviral therapies.

Methods: This work employed a structure-based *in-silico* pipeline to identify natural compounds with potential to inhibit the Gc glycoprotein, a class II fusion protein essential for viral entry.

Results: A curated library of 537 phytochemicals was filtered by structural similarity, selecting 20 top candidates (flavonoids and alkaloids). Molecular docking against the Gc “head” domain (PDB: 6H3X) was followed by 100-nanosecond molecular dynamics simulations in YASARA, MM-PBSA binding free energy estimations, and ADMET profiling. Quercetin, previously reported as a putative OROV inhibitor, served as the reference ligand in all dynamic analyses. Significantly, curcumin and berberine demonstrated outstanding performance, combining favorable binding energies (−38.14 and −13.10 kcal/mol, respectively) with high structural stability (RMSD \leq 1.82 Å) throughout the simulations. Curcumin additionally exhibited a highly favorable pharmacokinetic profile, whereas berberine’s potent interaction was tempered by predicted cytotoxicity and mutagenicity signals, suggesting the need for structural optimization. Cynaroside, baicalin, and naringin also maintained stable interactions, although their predicted low oral bioavailability may limit direct clinical translation. It is notable that in this model, more positive or near-zero binding energy values were interpreted as indicative of more favorable ligand-protein interactions, a criterion consistent with the evaluation algorithms implemented in YASARA, which integrates molecular mechanics with empirical force field optimizations for high-precision affinity estimation. The use of YASARA was strategic due to its robust energy minimization protocols, solvent-aware dynamics, and reproducibility over extended simulation times.

Conclusions: Collectively, these findings position curcumin and berberine as highly promising molecular scaffolds for the rational development of novel antivirals against OROV, with translational potential to other emerging orthobunyaviruses. Ultimately, their performance *in silico* underscores the urgent need for experimental validation and paves the way for targeted antiviral discovery pipelines, a critical step in strengthening preparedness against arboviral threats in Latin America.

Keywords: Oropouche virus, Gc glycoprotein, natural compounds, molecular docking, molecular dynamics, ADMET.

ÁREA TEMÁTICA: Virología estructural.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.303.868>

ACV-2025-062

Interacción entre las proteínas conservadas VP37, VP39 y 8ORV en *monkeypox* virus y el compuesto antiviral NIOCH-14: aproximación *in silico*

LORENA PÉREZ LONDOÑO¹, CRISTIAN HENAO MORALES¹,
DEYSI TATIANA OSPINA MUÑOZ¹, DIANA MARYORY GÓMEZ GALLEGU²,
SANTIAGO RENDON-MARIN³

¹ Universidad de Antioquia, Escuela de Microbiología, Medellín (Colombia).

² Grupo Infettare, Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, Medellín (Colombia). Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

³ Grupo de Investigaciones Biomédicas Uniremington, Facultad de Ciencias de la Salud, Programa de Medicina, Corporación Universitaria Remington, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Lorena Pérez Londoño. lorena.perezl@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: La viruela del simio, causada por *monkeypox virus* (MPXV), ha emergido recientemente como una amenaza global de salud pública, que no cuenta con un tratamiento antiviral específico aprobado. Las proteínas VP37, VP39 Y 8ORV, son fundamentales en el ciclo viral de MPXV y son altamente conservadas, lo que las convierte en potenciales blancos terapéuticos. El antiviral NIOCH-14 ha mostrado actividad contra *Orthopoxvirus*, actuando sobre la proteína VP37, sin embargo, su interacción con proteínas clave en MPXV aún no ha sido completamente explorada. El objetivo de este estudio fue evaluar la interacción molecular del antiviral NIOCH-14 con las proteínas virales clave de MPXV (8ORV, VP37, VP39) mediante análisis *in silico*.

Métodos: Las estructuras de las proteínas VP39 y 8ORV se obtuvieron del PDB, mientras que VP37 y EVM036 fueron modeladas por homología usando Swiss-Model y validadas estereoquímicamente con MolProbity. El ligando NIOCH-14 se descargó de PubChem. Se realizó acoplamiento molecular con AutoDock Vina y Haddock 2.4, se analizaron energías de unión e interacciones no covalentes.

Resultados: Aunque NIOCH-14 es un análogo del compuesto ST-246 (Tecovirimat), dirigido principalmente a la proteína VP37, el análisis con AutoDock Vina mostró una mayor afinidad de unión con la proteína VP39, clave para la replicación viral. Sin embargo, el análisis con Haddock reveló una mayor afinidad de unión con 8ORV, una poxina reguladora de la respuesta inmune innata de la célula hospedera.

Conclusiones: Este estudio sugiere que NIOCH14 podría ser un tratamiento antiviral prometedor contra MPXV al mostrar interacciones favorables con proteínas virales clave, diferentes a VP37. Las divergencias entre los *softwares* empleados destacan la importancia de la parametrización. Es necesaria la realización de dinámica molecular para analizar el comportamiento y estabilidad en el tiempo de los complejos a condiciones fisiológicas.

Palabras clave: *monkeypox virus*, NIOCH-14, proteínas conservadas virales, docking molecular, potencial terapéutico.

ÁREA TEMÁTICA: Epidemiología molecular y genómica.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.303.869>

ACV-2025-063

Virus del dengue serotipo 2 en Colombia: estado actual de la circulación del genotipo Cosmopolitan y su relación con la ocurrencia de casos y severidad de la enfermedad

LISSETHE CAROLINA PARDO HERRERA¹, MAYRA ALEJANDRA PORRAS GUTIERREZ¹,
ADRIANA MARCELA RODRÍGUEZ PAZ¹, GISELLE CAROLINA CLAVIJO YATE¹,
MARÍA FERNANDA BUSTAMANTE RESTREPO¹, CLAUDIA LIZETH CETINA BARAJA¹,
ANDREA JINETH RODRÍGUEZ REYES², MARTHA STELLA AYALA SOTELO¹,
SERGIO YEBRAIL GÓMEZ RANGEL¹

¹ Grupo de Virología, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud,
Bogotá (Colombia).

² Dirección de Vigilancia y Análisis del Riesgo en Salud Pública, Instituto Nacional de
Salud, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Lissethe Carolina Pardo Herrera. lpardo@ins.gov.co

RESUMEN

Introducción: En Colombia, el Instituto Nacional de Salud (INS) informó la circulación del genotipo Cosmopolitan del dengue 2 (DENV-2) desde 2022. Este genotipo ha sido dominante en algunos países de la región y se ha asociado con incremento de casos y posible modulación de la severidad. El Laboratorio Nacional de Referencia (LNR) del INS mantiene la vigilancia de este virus para estimar su distribución y relación con el comportamiento de la enfermedad. El objetivo de este estudio fue describir la distribución del genotipo Cosmopolitan del DENV-2 en Colombia, y su relación con el comportamiento de la enfermedad desde la vigilancia realizada en el LNR/INS.

Métodos: Se confirmó DENV-2 por RT-PCR en muestras procedentes de los Laboratorios de Salud Pública Departamentales ($n = 7.967$) desde 2022. Posteriormente, se intentó la detección del genotipo mediante secuenciación y RT-PCR. La severidad de la enfermedad, notificada en Sivigila, se consolidó para los casos confirmados por este genotipo.

Resultados: En 1331 muestras positivas para DENV-2 se confirmó el genotipo del virus. El genotipo Cosmopolitan se ha encontrado en mayor proporción comparado con el asiático-americano (72,6 % vs. 27.4 %), fenómeno observado desde 2024. Este genotipo se ha detectado en 29 departamentos, siendo dominante en Caquetá, Cundinamarca, Huila, Putumayo, Santander, Tolima y Valle del Cauca. Actualmente en Colombia la severidad del dengue ha disminuido y no se ha observado una tendencia que permita asociar este genotipo con mayor riesgo de dengue grave.

Conclusiones: El genotipo Cosmopolitan de DENV-2 se distribuye en la mayoría del país. Se ha observado una tendencia a desplazar al genotipo asiático-americano, aunque esto no ha coincidido con mayor dominancia del serotipo ni aumento en la severidad. Desde el INS se mantiene el monitoreo de la circulación viral de los diferentes serotipos/genotipos del dengue, como parte de la estrategia de control del dengue en el país.

Palabras clave: arbovirus, dengue, genotipo Cosmopolitan, vigilancia epidemiológica, Colombia.

THEMATIC AREA: Zoonosis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.303.870>

ACV-2025-064

Highly Pathogenic Avian Influenza H5N1 in Wild and Domestic Birds: A Systematic Review and Meta-Analysis

JORGE LUIS BONILLA-ALDANA¹, KATTERINE BONILLA-ALDANA²,
JAIME CASTELLANOS¹, ALFONSO J. RODRIGUEZ-MORALES^{3,4}

¹ Grupo de Virología, Universidad El Bosque, Bogotá (Colombia).

² College of Medicine, Korea University, Seoul (Republic of Korea).

³ Grupo de Investigación Biomedicina, Facultad de Medicina, Fundación Universitaria
Autónoma de las Américas-Institución Universitaria Visión de las Américas,
Pereira (Colombia).

⁴ Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Científica del Sur, Lima (Perú).

Correspondence: Alfonso J. Rodriguez-Morales. alfonso.rodriguez@uam.edu.co

ABSTRACT

Introduction: Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) H5N1, a zoonotic virus primarily affecting birds, has shown increasing cross-species transmission, leading to high global concern. Thus, the objective of this study is to assess the global prevalence and characteristics of H5N1 infections in wild and domestic birds through a systematic review and meta-analysis.

Methods: Following PRISMA guidelines, we conducted a systematic search across PubMed, Scopus, and Web of Science up to 1 August 2025. Observational studies reporting the prevalence or seroprevalence of H5N1 in wild and domestic birds were included. Data extraction and quality assessment were performed independently by four reviewers. Meta-analyses were conducted using a random-effects model, and heterogeneity was assessed via I² statistics.

Results: Two hundred twenty-one studies (161 for wild birds and 60 for domestic ones) met the inclusion criteria and were included in the meta-analysis ($n = 490,984$ birds, 69.5% wild). The pooled global prevalence of wild bird infections due to H5N1 influenza in individual sampling/testing studies using RT-PCR was 0.1% (95%CI: 0.09-0.2%), with moderate heterogeneity ($I^2 = 59.9\%$). Conversely, the pooled global prevalence of wild bird infections due to H5N1 influenza in pool sampling/testing studies using RT-PCR was 0.4% (95%CI: 0.2-0.7%), with high heterogeneity ($I^2 = 79.3\%$). The pooled global prevalence of domestic bird infections due to H5N1 influenza in individual sampling/testing studies using RT-PCR was 1.4% (95%CI: 1.2-1.6%), with high heterogeneity ($I^2 = 97.8\%$). Finally, the pooled global prevalence of domestic bird infections due to H5N1 influenza in pool sampling/testing studies using RT-PCR was 3.4% (95%CI: 2.3-4.6%), with high heterogeneity ($I^2 = 96.7\%$).

Conclusions: Although the overall prevalence is low, H5N1 infection in birds is concerning, especially among domestic ones, with the highest prevalence rates. Crucially, their close contact with humans and other animals highlights the need for enhanced surveillance, diagnostics, and One Health strategies to mitigate zoonotic risks.

Keywords: H5N1, birds, Highly Pathogenic Avian Influenza, meta-analysis, one health, zoonosis.

ÁREA TEMÁTICA: Epidemiología y vigilancia.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.407.345>

ACV-2025-065

Caracterización de enterovirus circulantes en Colombia: experiencias en el brote de enfermedad de manos, pies y boca durante 2025

PAULA ANDREA BÁEZ TRIANA^{1,2}, PAOLA ANDREA CARO BURGOS¹, ERIKA XIMENA OSPITIA BÁEZ³, HERNÁN DARÍO CASTIBLANCO-MARTÍNEZ¹, MARÍA FERNANDA CARREÑO¹, SERGIO YEBRIL GÓMEZ-RANGEL¹

¹ Grupo de Virología, Laboratorio Nacional de Referencia-LNR, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá (Colombia).

² Organización Panamericana de la Salud, contratista.

³ Grupo de Investigación en Epidemiología Aplicada, Instituto Nacional de Salud, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Sergio Yebrail Gómez-Rangel. sgomezr@ins.gov.co

RESUMEN

Introducción: Los enterovirus son un grupo diverso, causante de una amplia variedad de enfermedades, que afectan principalmente a niños. La OPS/OMS emitió en marzo de 2025 una alerta epidemiológica para la prevención y control de enfermedad de manos, pies y boca (EMPB) en la región de las Américas. Esta enfermedad se caracteriza por la aparición localizada de erupciones papulovesiculares. En Colombia se evidenció un notable incremento en la notificación de estos casos a partir de la SE 14. El Laboratorio Nacional de Referencia (LNR) caracteriza los virus causantes de síndromes neurológicos y enfermedad enteroviral.

Métodos: Se recolectaron y procesaron muestras de materia fecal, según lineamientos OPS/OMS, para la vigilancia de parálisis flácida aguda (PFA) en Colombia. Las suspensiones fecales obtenidas se inocularon en células RD para el aislamiento viral. Los aislamientos positivos y las suspensiones crudas fueron sometidos a extracción de ARN, seguido de la amplificación de la región 5'UTR para todos los enterovirus, por RT-PCR en tiempo real. Posteriormente, se realizó secuenciación Sanger de la región VP1 y tipificación por análisis filogenético.

Resultados: En respuesta al incremento de casos de EMPB, el LNR ha detectado un 20 % (4/20) de positividad para aislamiento viral y un 45 % (9/20) para RT-PCR en tiempo real. En los casos de síndrome neurológicos, se han tipificado diversos enterovirus de los grupos A y B, algunos de gran importancia clínica, como coxsackievirus A2 y echovirus 30 y 11, respectivamente. No se detectó poliovirus en ninguna de las muestras analizadas.

Conclusiones: Colombia mantiene su estatus como país libre de poliomielitis. Caracterizar los enterovirus circulantes, refuerza la protección a la primera infancia mediante la orientación para la toma de decisiones informadas, basadas en una nueva vigilancia integrada entre epidemiología, LNR y PAI, aportando al fortalecimiento de eventos de interés en salud pública tanto para el país como para la región de las Américas.

Palabras clave: enterovirus, filogenia, línea celular, tipificación molecular.

ÁREA TEMÁTICA: Respuesta inmune.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.407.346>

ACV-2025-066

Disminución de los títulos neutralizantes contra la variante beta del SARS-CoV-2 en una población rural dispersa y no vacunada de la Sierra Nevada de Santa Marta (Colombia), obtenida con los linajes B.1.111 y B.1.420

LUIS GERMÁN CARO^{1,2}, JUAN CARLOS DIB^{1,2}, STACEY SCHULTZ-CHERRY³.

MANUEL K. MOLINA^{1,2}, KENDALL WHITT³, JOSÉ CORREA^{1,2}, MARIYULIANA ROYERO^{1,2},

VALERIE FLORIÁN^{1,2}

¹ Universidad del Norte, Barranquilla (Colombia).

² Tropical Health Foundation.

³ St. Jude Children's Research Hospital.

Correspondencia: José Correa. josecorrea200603@gmail.com

RESUMEN

Introducción: La pandemia por SARS-CoV-2 ha afectado desproporcionadamente a poblaciones rurales. Este estudio evaluó la respuesta humoral en comunidades no vacunadas de la Sierra Nevada de Santa Marta (Colombia), frente a variantes del virus, con énfasis en la variante Beta.

Métodos: Se caracterizó la respuesta inmune humoral frente a la infección por SARS-CoV-2 mediante un estudio longitudinal, enfocado en una población de campesinos e indígenas wiwa de la Sierra Nevada de Santa Marta durante septiembre de 2020 y junio de 2021. En el estudio participaron 7 indígenas wiwa y 76 campesinos a los cuales se les tomaron muestras de hisopado nasal y sangre total. A partir de las muestras se realizó extracción de ARN; posteriormente, una RT-qPCR multiplex con protocolo del CDC para detectar al tiempo SARS-CoV-2 e influenza. Siguiendo el protocolo de secuenciación por amplicones ARTIC para SARS-CoV-2, y utilizando el método *MinIon* de *Oxford Nanopore Technologies* se procedió con la secuenciación viral, y finalmente se ejecutó un ensayo ELISA utilizando proteínas antigénicas RBD-S del SARS-CoV-2. Se identificaron los linajes B.1.111 (wiwa) y B.1.420 (campesinos).

Resultados: Los títulos de IgG anti-RBD comenzaron a disminuir desde el día 30 y desaparecieron completamente en el grupo wiwa al día 90. En la población campesina, los títulos frente a Wuhan, Delta y Lambda fueron mayores que contra Alpha, Beta y Gamma. Las muestras del día 90 no alcanzaron un 50 % de neutralización. Los títulos de nAbs fueron 6 a 8 veces menores frente a la variante Beta en comparación con la cepa WA-1. Se observó una disminución rápida y significativa de los títulos de anticuerpos neutralizantes frente a SARS-CoV-2, especialmente contra la variante Beta, lo que podría incrementar la susceptibilidad de estas poblaciones a dicha variante.

Conclusiones: Estos hallazgos resaltan la necesidad de estrategias de vigilancia inmunológica en zonas rurales y marginadas.

Palabras clave: SARS-CoV-2, anticuerpos neutralizantes, variante beta, linaje B.1.111, linaje B.1.420, respuesta humoral.

ÁREA TEMÁTICA: Arbovirus.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.407.347>

ACV-2025-067

Producción de vDNA inducida por CHIKV en *Aedes albopictus*: evidencias *in vitro* e *in vivo*

JUAN S. MANTILLA-GRANADOS¹, ELIANA CALVO²,
MYRIAM LUCÍA VELANDIA-ROMERO², JORGE LUIS DE LAS SALAS-ALI³,
JAIME E. CASTELLANOS².

¹ Instituto de Salud y Ambiente, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque, Bogotá (Colombia).

² Grupo de Virología, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque, Bogotá (Colombia).

³ Laboratorio de Salud Pública, Secretaría de Salud del Vichada (Colombia).

Correspondencia: Juan S. Mantilla-Granados. Jmantillag@unbosque.edu.co

RESUMEN

Introducción: La producción de ADN derivado de virus de ARN (vDNA) mediada por elementos transponibles (ET) ha sido identificada como una estrategia para generar inmunidad de memoria en mosquitos, permitiéndoles tolerar infecciones por arbovirus. *Aedes albopictus*, un vector eficiente del virus chikungunya (CHIKV) se expande rápidamente en Colombia, lo que resalta la necesidad de comprender sus mecanismos moleculares de competencia vectorial. Este estudio evaluó la producción de vDNA asociada a la infección por CHIKV en la línea celular C6/36 de *Ae. albopictus* y en poblaciones naturales de esta especie colectadas en Vichada.

Métodos: La línea celular C6/36 se infectó con CHIKV (MOI 0.01), recolectándose células a las 3, 6, 12, 24 y 48 horas posinfección(hpi). A las 24 horas se aislaron vesículas extracelulares (EVs) de los sobrenadantes tratándolas con DNasa y RNasa antes de la extracción de DNA. Se emplearon seis pares de cebadores específicos para regiones del genoma viral que no amplifican el genoma del mosquito, confirmando por secuenciación, y se analizó la presencia diferencial de proteínas en EVs por espectrometría de masas. De campo se procesaron 34 larvas (3 *pools*) y 108 hembras (18 *pools*) de zonas urbanas y rurales.

Resultados: Se detectaron fragmentos de vDNA correspondientes a nsp1, nsp2, nsp4, E1 y cápside, apareciendo los no estructurales desde las 6 hpi y los estructurales desde 12 hpi, además de vDNA en EVs, lo que sugiere su empaquetamiento. El análisis proteómico identificó proteínas asociadas a biogénesis de EVs y a actividad de ET. En campo nsp1 y E1 se detectaron en 1 de 3 *pools* de larvas y en 8 de 18 de hembras.

Conclusiones: Este es el primer reporte de múltiples vDNA de CHIKV en poblaciones silvestres de *Ae. albopictus* y de su posible asociación con EVs, destacando el papel del vDNA en la dinámica virus vector y en su competencia vectorial.

Palabras clave: inmunidad del vector, virus-vector, virus reemergentes, aedes, chikungunya.

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 codificante 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.

ÁREA TEMÁTICA: Patogénesis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.407.349>

ACV-2025-069

Fisiopatología de la infección por COVID-19 en relación con la enfermedad de Chagas: seguimiento de una cohorte de pacientes en el norte de Colombia antes y durante la pandemia

JUAN CARLOS DIB^{1,2}, STACEY SCHULTZ-CHERRY³, MANUEL K. MOLINA^{1,2},
KENDALL WHITT³, ANDRÉS ARISTIZÁBAL², JAVIER ROMERO²,
MARÍA ALEJANDRA VIVIESCAS^{1,2}, ÁLVARO VILLALBA^{1,2}

¹ Universidad del Norte, Barranquilla (Colombia).

² Tropical Health Foundation.

³ St. Jude Children's Research Hospital.

Correspondencia: María Alejandra Viviecas. maviviecas@uninorte.edu.co

RESUMEN

Introducción: La enfermedad de Chagas (CD), causada por *Trypanosoma cruzi*, es endémica en comunidades indígenas de América Latina, con prevalencias mucho mayores que en la población general. Estas comunidades presentan diversidad genética particular que podría influir en la evolución de la cardiopatía chagásica crónica (CCC) y en la respuesta frente al SARS-CoV-2. La COVID-19 se asocia con mayor riesgo de morbilidad cardiovascular, pero su impacto en pacientes con CD sigue siendo incierto.

Métodos: Se realizó un seguimiento prospectivo de 22 años a 1350 individuos indígenas de la Sierra Nevada, incluyendo 350 pacientes con CD confirmada por serología y PCR, evaluados semestralmente mediante electrocardiograma, ecocardiograma y clasificación de compromiso cardíaco según la OMS. Con la llegada del SARS-CoV-2 en septiembre de 2020, 274 pacientes continuaron seguimiento y fueron diagnosticados de COVID-19 por RT-PCR, antígeno viral y criterios serológicos.

Resultados: Contrario a lo esperado, las tasas ajustadas de eventos cardiovasculares en el periodo post-COVID-19 no superaron las del periodo previo. En esta cohorte indígena, menos del 10 % presentó compromiso cardíaco, frente al 30-40 % descrito en otras poblaciones con CD, posiblemente debido a factores inmunogénicos protectores, como variantes del complejo mayor de histocompatibilidad (HLA) y alta expresión basal de HLA-DR en monocitos. Los pacientes con CCC previa sí mostraron mayor gravedad clínica de COVID-19.

Conclusiones: Los mecanismos inmunológicos que predisponen al desarrollo de CCC podrían también influir en la severidad de COVID-19. La diversidad genética de estas poblaciones subraya la importancia de investigarlas para comprender la susceptibilidad diferencial a infecciones virales y orientar estrategias de prevención y manejo.

Palabras clave: SARS-CoV-2, enfermedad de Chagas, cardiopatía chagásica crónica, inmunogenética, poblaciones indígenas.

ÁREA TEMÁTICA: Arbovirus.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.407.350>

ACV-2025-070

Adentrándonos en la inmunopatogénesis del virus chikunguña: cuando la inmunidad antiviral impulsa la inflamación crónica - funciones clave de la dinámica monocito-macrófago y el eje IFN- π /IL-27

JUAN FELIPE VALDÉS-LÓPEZ¹, YORDI SEBASTIÁN TAMAYO-MOLINA¹,
LADY JOHANA HERNÁNDEZ-SARMIENTO¹, PAULA A. VELILLA¹,
AND SILVIO URCUQUI-INCHIMA¹

¹ Grupo Inmunovirología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia UdeA, Calle
70 No. 52-21, Medellín, Colombia.

Correspondencia: Juan Felipe Valdés-López. Felipe.valdes@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: La artritis crónica por el virus chikungunya (CHIKV) está mediada por mecanismos inmunopatológicos poco comprendidos. Nuestro objetivo fue caracterizar cómo el CHIKV modula la diferenciación de monocitos a macrófagos y su contribución a la inflamación persistente.

Métodos: Monocitos humanos ($n = 3-4$) se diferenciaron a macrófagos durante 6 días en presencia o ausencia de CHIKV (MOI 10). Se evaluó su perfil transcripcional (RNA-seq), fenotipo (citometría de flujo) y producción de citocinas (ELISA: IFN- π /IL-27, TNF- α , IL-6). Se realizaron ensayos funcionales (respuesta a LPS, fagocitosis, producción de ROS). Además, se analizaron transcriptomas de células sanguíneas de pacientes con CHIKV y de tejido articular de ratones infectados (días 2, 7 y 30 post-infección).

Resultados: CHIKV indujo la diferenciación de macrófagos con un perfil inflamatorio (\uparrow IFN- π /IL-27, TNF- α , IL-6), mayor respuesta a LPS y actividad fagocítica. Los transcriptomas de pacientes mostraron regulación positiva de marcadores de diferenciación (CD14, CD16, MSR1, CD163), vías antivirales (PRRs, ISGs) e IFN- π /IL-27. En ratones, se observó infiltración de macrófagos y expresión sostenida de IFN- π /IL-27, STAT1, ISGs y citocinas inflamatorias durante la fase aguda (día 7) y crónica (día 30).

Conclusiones: La infección por CHIKV promueve la diferenciación de macrófagos con un estado inflamatorio y antiviral dependiente de IFN- π /IL-27, tanto *in vitro* como *in vivo*. La producción crónica de IFN- π /IL-27 y la activación persistente de STAT1 perpetúan la inflamación articular, sugiriendo que esta vía representa un potencial blanco terapéutico para la artritis por CHIKV.

Palabras clave: CHIKV, macrófagos, IFN- π /IL-27, artritis crónica, transcriptoma.

ÁREA TEMÁTICA: Ómicas.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.407.35> ACV-2025-071

ACV-2025-071

Evaluación de los cannabinoides como posibles antivirales e inmunomoduladores contra la infección por el virus Mayaro en macrófagos humanos: análisis transcriptómico e in vitro de las respuestas inflamatorias, antivirales y de estrés del RE

LADY JOHANA HERNÁNDEZ-SARMIENTO¹, JUAN FELIPE VALDÉS-LÓPEZ¹,
SILVIO URCUQUI-INCHIMA¹

¹ Grupo Inmunovirología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Silvio Urcuqui-Inchima. silvio.urcuqui@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: El virus Mayaro (MAYV), un arbovirus de la familia *Togaviridae*, causa fiebre de mayaro (MAYF) con artralgias persistentes, mediadas por una respuesta inflamatoria exacerbada. Los macrófagos son blancos virales y moduladores clave de esta respuesta. Dada la falta de tratamientos específicos, exploramos el potencial de los cannabinoides, como el cannabidiol (CBD) y el WIN 55,212-2, como estrategias antivirales e inmunomoduladoras en macrófagos derivados de monocitos humanos (MDMs) infectados por MAYV.

Métodos: MDMs humanos (n = 3-4) fueron infectados con MAYV y tratados con CBD o WIN 55,212-2 en condiciones de pre- y postratamiento. Se evaluó la replicación viral, la respuesta inflamatoria y el estrés celular mediante RNA-seq, ELISA y RT-qPCR a las 6 y 24 horas posinfección (hpi). Se analizaron vías de señalización como la respuesta integrada al estrés (ISR) y la actividad de IRE1 α /sXBP1.

Resultados: El WIN 55,212-2 en postratamiento inhibió la replicación de MAYV a las 24 hpi sin efecto virucida directo. Este efecto antiviral no se asoció a la inducción de ISGs o interferones, sino a la activación de la respuesta al estrés, incluyendo la actividad de IRE1 α y la producción de sXBP1. Además, WIN 55,212-2 redujo la expresión de genes inflamatorios y alteró la producción de citocinas/quimiocinas, contrastando con la fuerte respuesta inflamatoria inducida por MAYV. Curiosamente, WIN 55,212-2 también reguló genes inmunitarios independientemente de la infección viral.

Conclusiones: WIN 55,212-2 modula la respuesta inmune en MDMs infectados por MAYV mediante un mecanismo que integra señales de estrés celular y control de la inflamación, ofreciendo una nueva estrategia terapéutica. Sin embargo, se requieren más estudios para dilucidar su mecanismo antiviral preciso y su impacto en la interacción huésped-patógeno.

Palabras clave: MAYV, macrófagos, cannabinoides, WIN 55,212-2, respuesta al estrés, inmunomodulación.

THEMATIC AREA: Vaccines.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.407.352>

ACV-2025-072

A Critical Analysis of the Trends in Low Measles-Containing-Caccine First- and Second Dose (MCV1 & 2) Immunization Coverage among 1-Year-Olds in Venezuela, 2009-2024

ALFONSO J. RODRIGUEZ-MORALES^{1,2}, JAIME A. CARDONA-OSPINA³,
MARIA ALEJANDRA AVILA-TANGARIFE¹, CARMEN ROSA SALAZAR-LEDESMA¹,
MARIA PAULA CEDEÑO¹, MELY ALEXANDRA OLARTE-DURAND^{1,12},
DEICY MARIANA SOTO-RAMÍREZ¹, DOMENICA ACEVEDO^{1,13}, THOMAS MALAVET^{1,14},
VALERIA MARMOLEJO¹, RIMA MOGHNIEH⁴, ROLA HUSNI⁴,
GERMAN CAMACHO-MORENO^{5,6}, CARLOS TORRES-MARTINEZ⁷, JOSE BREA⁸,
JORGE LUIS BONILLA-ALDANA⁹, D. KATTERINE BONILLA-ALDANA¹⁰,
ROLANDO ULLOA-GUTIERREZ^{11,12,13}

¹ Grupo de Investigación Biomedicina, Faculty of Medicine, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas-Institución Universitaria Visión de las Américas, Pereira, Risaralda 660003 (Colombia).

² Faculty of Health Sciences, Universidad Científica del Sur, Lima, 4861 (Perú).

³ Division of Infectious Diseases and Vaccinology, School of Public Health, University of California, Berkeley, Berkeley, CA (USA).

⁴ Division of Infectious Diseases, Department of Internal Medicine, Gilbert and Rose-Marie Chagoury School of Medicine, Lebanese American University, Beirut, 1102 (Lebanon).

⁵ HOMI, Fundación Hospital Pediátrico de la Misericordia, Bogotá (Colombia).

⁶ Universidad Nacional de Colombia, Bogotá (Colombia).

- ⁷ Department of Pediatrics, Universidad El Bosque, Cafettor Médica SAS, Bogotá (Colombia).
- ⁸ Facultad de Ciencias de La Salud, Instituto Tecnológico de Santo Domingo, Santo Domingo (República Dominicana).
- ⁹ Grupo de Virología, Universidad El Bosque, Bogotá (Colombia).
- ¹⁰ College of Medicine, Korea University, Seoul (Republic of Korea).
- ¹¹ Servicio de Aislamiento, Hospital Nacional de Niños “Dr. Carlos Sáenz Herrera”, Centro de Ciencias Médicas, Caja Costarricense de Seguro Social (CCSS), San José (Costa Rica).
- ¹² Instituto de Investigación en Ciencias Médicas UCIMED (IICIMED), San José (Costa Rica).
- ¹³ Cátedra de Pediatría, Facultad de Medicina, Universidad de Ciencias Médicas (UCIMED), San José (Costa Rica).

Correspondence: Alfonso J. Rodríguez-Morales. alfonso.rodriguez@uam.edu.co

ABSTRACT

Introduction: Recently, measles has reemerged as a significant public health concern globally, affecting countries in Latin America, particularly children in areas facing low vaccination coverage and political or socioeconomic instability. Despite being a vaccine-preventable disease with elimination goals established by the World Health Organization (WHO), measles immunization rates in several Latin American countries remain below the recommended thresholds, increasing the risk of outbreaks and regional transmission amid epidemics in North America. The objectives of this study were to assess measles vaccine trends and indicators in Venezuela.

Methods: Using PAHO, the WHO/UNICEF Joint Reporting Form on Immunization, and the WHO/UNICEF Estimates of National Immunization Coverage (WUENIC) data from the Venezuelan Ministry of Health, a trend analysis of immunization coverage of under-1-year-olds against measles in Venezuela, 2009-2024 (Measles-containing-vaccine first- and second-dose, MCV1/2, immunization coverage among 1-year-olds), with an ecological approach, was done. Additionally, cases of measles infections were considered and analyzed. Variations in rates and other analyses were made.

Results: Immunization coverage of under-1-year-olds varied from 87% in 2009 (MCV1) to a maximum of 96% in 2017. Since 2017, a significant reduction trend ($r^2=0.600$, $p=0.0409$, linear regression) up to 2023 has been observed, reaching 52% in 2022, slightly recovering to 68% in 2023, and 71% in 2024. Specifically, from 2011 to 2019, low MCV1 vaccine coverage was significantly associated with an increase in measles cases (6,943 cases during the period) ($r^2=0.9600$, $p<0.0001$, non-linear regression). No significant associations were observed between MCV2 and measles cases ($p\geq 0.05$).

Conclusions: Measles immunization coverage in Venezuela has declined significantly since 2017, contributing to an increase in measles cases, particularly in areas where first-dose coverage (MCV1) fell below the recommended levels. Therefore, strengthening routine immunization programs and addressing coverage gaps are urgently needed to prevent future outbreaks and progress toward measles elimination goals in the country and the region.

Keywords: measles, vaccines, migration, coverage, humanitarian crisis, Venezuela.

ÁREA TEMÁTICA: Virus emergentes.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.407.353>

ACV-2025-073

Investigación del potencial rol de *Culicoides* spp. en la transmisión del virus Oropouche en Puerto Carreño, Colombia

CRISTIAN JAVIER SALCEDO-AMÓRTEGUI¹, SANTIAGO GARCÍA-GUZMAN¹,
ELIANA CALVO-TAPIERO², JAIME CASTELLANOS-PARRA²,
JUAN SEBASTIÁN MANTILLA-GRANADOS¹

¹ Vicerrectoría de Investigaciones, Instituto de Salud y Ambiente, Universidad El Bosque, Bogotá (Colombia).

² Vicerrectoría de Investigaciones, Grupo de Virología, Universidad El Bosque, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Cristian Javier Salcedo-Amórtegui. csalcedoa@unbosque.edu.co

RESUMEN

Identificación: La identificación de nuevos vectores en áreas de circulación viral es clave para comprender y contener la expansión de arbovirus emergentes; el virus Oropouche (OROV) es un orbunyavirus emergente asociado a brotes epidémicos en Sudamérica y recientemente confirmado en humanos en el país, aunque se ha encontrado que *Culicoides paraensis* son sus principales vectores urbanos en Brasil, no se conoce qué especies pueden participar en su transición en Colombia; por esta razón, nos propusimos identificar posibles vectores del virus Oropouche en *Culicoides* spp. de Puerto Carreño, mediante taxonomía integral, análisis de fuente de alimento y detección de infección natural.

Métodos: El muestreo se llevó a cabo en Puerto Carreño (Vichada) durante dos transiciones estacionales: agosto-septiembre de 2024 (lluviosa-seca) y mayo de 2025 (seca-lluviosa); se utilizaron trampas CDC con luz UV en entornos urbanos y periurbanos; los especímenes recolectados se agruparon en *pools* por morfotipo y se preservaron en RNAlater para identificación molecular, detección viral, determinación de fuente de alimento y *barcode*, los individuos representativos se conservaron en etanol para confirmación morfológica.

Resultados: Se capturaron 1559 individuos, correspondientes a 10 especies de *Culicoides*, destacando *Culicoides insignis* (1453 individuos) como la más abundante y predominante en la transición lluviosa-seca. El virus OROV se detectó exclusivamente en esta especie, con 2 *pools* positivos de los 29 analizados; adicionalmente, el análisis de sangre ingerida mostró preferencia por equinos y presencia de sangre humana, lo cual evidencia interacción con la población local.

Conclusiones: Estos resultados amplían por primera vez el conocimiento sobre los posibles vectores de OROV en Colombia y proporcionan una base científica esencial para estudios de competencia vectorial y estrategias de vigilancia de arbovirus emergentes en ecosistemas de frontera.

Palabras clave: virus Oropouche (OROV), fuente de alimento, vectores potenciales, infección natural, arbovirus emergentes.

ÁREA TEMÁTICA: Hepatitis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.407.354>

ACV-2025-074

Inhibición de la actividad transcripcional del virus de la hepatitis B mediante tecnología CRISPR/dCas9 dirigida a un blanco de cccDNA recombinante

FABIÁN CORTÉS-MANCERA^{1,2}, PATRYCK JELLEMA¹, MARÍA-CRISTINA NAVAS³,
MARIANNE ROTS¹

¹ Epigenetic Editing Group. Pathology and Medical Biology Department, Faculty of Medicine, University Medical Center, University of Groningen (The Netherlands).

² Grupo de Investigación e Innovación Biomédica, Facultad de Ciencias Exactas y Aplicadas, Instituto Tecnológico Metropolitano, Medellín (Colombia).

³ Grupo de Gastrohepatología. Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Fabián Cortés-Mancera. fabiancortes@itm.edu.co

Financiación: Beca doctoral MinCiencias, Colombia (Convocatoria 783) y De Cock-Hadders Foundation, Países Bajos (Grant: 931462).

RESUMEN

Introducción: Una de las estrategias del virus de la hepatitis B (VHB) para establecer infección crónica es la persistencia del intermediario replicativo denominado ADN circular covalentemente cerrado (cccDNA) en los hepatocitos infectados. El cccADN forma un complejo con histonas celulares, por esto se conoce como minicromosoma (mcADN), que se caracteriza por presentar patrones de metilación que regulan el nivel de actividad transcripcional; por lo que corresponde a un blanco terapéutico para el control de la replicación viral y para la eventual cura virológica. Las tecnologías para guiar efectores epigenéticos a secuencias genómicas específicas se ha planteado como una excelente opción.

Métodos: En este trabajo se muestra el uso de la tecnología CRISPR/dCas9 para regular la actividad transcripcional del VHB utilizando como blanco un modelo de cccADN recombinante. Para evaluar el efecto inhibitorio se utilizó un constructo CRE/LoxP recombinasa para generar copias de cccADN (rcccADN) del VHB (pCre/LoxP HBV GFP (S)). Células HepG2 fueron cotransfectadas transitoriamente con plásmidos con el sistema CRISPR/dCas9 fusionado con efectores epigenéticos ADN metiltransferasas, Histona tri-metiltransferasa, un dominio transcripcional pasivo (dCas9-SKD), o el multiefactor CRISPR-Off. Como control se cotransfectó un plásmido dCas9 sin efectores (dCas9-NED). Para posicionar el sistema CRISPR/dCas9 en la secuencia reguladora cercana a los “enhancers” I/II del genoma de VHB, fueron adicionados 8 ARNs guía (sgRNA). Luego de la cotransfección, se extrajo ARN total y se cuantificaron los transcritos virales mediante RT-qPCR.

Resultados: El análisis de los transcritos virales demostró que la cotransfección en combinación con los efectores individuales, o usando CRISPR-Off, evidenció una reducción significativa del nivel de los transcritos virales comparado con el control dCas9-NED.

Conclusiones: Este reporte demuestra la aplicabilidad de la tecnología CRISPR/dCas9 para regular la actividad transcripcional de rcccADN del VHB.

Palabras clave: virus de la hepatitis B, infección crónica, cccADN, minicromosoma (mcADN).

ÁREAS TEMÁTICAS: Virus de animales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.216>

ACV-2025-075

Diseño y evaluación *in silico* de miRNAs con potencial para inducir silenciamiento postranscripcional del gen *Rep* (ORF1) en circovirus porcino tipo 2 (PCV2)

ANDRÉS FELIPE GUERRA-RODRÍGUEZ¹, EDWIN F. SÁNCHEZ-LÓPEZ²,
ADIS AYALA-FAJARDO³

¹ Estudiante, Semillero de Investigación en Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Matemáticas y Naturales, Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá (Colombia).

² Investigador, Grupo de Investigación en Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias y Educación, Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá (Colombia).

³ Directora, Grupo de Investigación en Bioquímica y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Matemáticas y Naturales, Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Edwin F. Sánchez-López. efsanchezl@udistrital.edu.co. Adis Ayala-Fajardo. aayala@udistrital.edu.co

RESUMEN

Introducción: El circovirus porcino tipo 2 (PCV2) es un virus desnudo con genoma ssDNA de 1.768 con alta variabilidad genética ($1,2 \times 10^{-3}$ sustituciones puntuales anuales) y diversidad de genotipos. El material genético de PCV2 tiene 11 marcos abiertos de lectura (ORF). Los ORF1 y ORF2 son regiones codificantes de transcritos principales. El gen *Cap* (ORF2) codifica la proteína de la cápside y es blanco de tratamientos contra PCV2. Esta región es de gran variabilidad, mientras que el gen *Rep* (ORF1) es el más conservado, siendo una secuencia óptima para estrategias de silenciamiento génico. A este virus se le atribuye un conjunto de enfermedades asociadas (PCVAD) en cerdos (*Sus scrofa*), con una tasa de letalidad del 80 %. El propósito de este trabajo fue diseñar y evaluar *in silico* secuencias de miRNAs dirigidas hacia *Rep*.

Métodos: Se buscó una región de alta conservación (percentil 1 % de Z-score, entropía de Shannon) mediante alineamientos múltiples generados con MUSCLE a partir de 4560 secuencias de NCBI-Virus, en Bioconda y Jupyter Lab con librerías de Biopython. Los haplotipos del género *Circovirus* se compararon para evaluar la dinámica evolutiva de PCV2 mediante análisis filogenético de máxima verosimilitud en MEGA 11. La evaluación de la estabilidad de los complejos miRNA/mRNA, AGO2/miRNA y AGO2/miRNA/mRNA se realizó con VMD, NAMD y GROMACS para el ajuste de topología, minimización y dinámica molecular.

Resultados: Se encontró que la región codificante de la subunidad ATPasa es la más conservada (>98 %), destacando el segmento 762 a 784 nt (Z-score < -1547) como blanco potencial. Se diseñaron 2 miRNAs dirigidos a este intervalo genómico, los cuales presentaron bajo porcentaje de cobertura respecto a mRNA endógenos (*off-target*) y alta estabilidad de unión para la región blanco de Rep-mRNA.

Conclusiones: La evaluación computacional de los candidatos indicó que son viables como una potencial estrategia de silenciamiento génico para PCV2.

Palabras clave: bioinformática, dinámica molecular, genómica viral, microRNA, silenciamiento, PCV2.

ÁREA TEMÁTICA: Biotecnología.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.217>

ACV-2025-076

Producción de una proteína recombinante de interés farmacéutico derivada del virus del síndrome reproductivo y respiratorio porcino (PRRSV)

DANIEL FELIPE FLÓREZ BURBANO¹, ADÍS AYALA FAJARDO², JAIRO JAIME³,
DIANA S. VARGAS-BERMÚDEZ³, EDWIN F SÁNCHEZ LÓPEZ⁴

¹ Proyecto Curricular de Licenciatura en Química (PCLQ)–Semillero Grupo de Investigación en Bioquímica y Biología Molecular (BBM), Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá (Colombia).

² Programa de Química. Directora Grupo de Investigación en Bioquímica y Biología Molecular, Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá (Colombia).

³ Universidad Nacional de Colombia. Facultad de medicina veterinaria y zootecnia, sede Bogotá. Centro de Investigación en infectología e inmunología veterinaria (CI3V), Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá (Colombia).

⁴ Proyecto Curricular de Licenciatura en Biología (PCLB) – Grupo de Investigación en Bioquímica y Biología Molecular, Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Edwin F. Sánchez-López. efsanchezl@udistrital.edu.co. Adis Ayala-Fajardo. aayala@udistrital.edu.co

RESUMEN

Introducción: El síndrome respiratorio y reproductivo porcino (PRRSV) es una enfermedad que provoca problemas respiratorios, como neumonía intersticial, en cerdos y mortalidad. Se caracteriza por una viremia prolongada y su replicación en macrófagos alveolares pulmonares. El PRRSV es altamente variable y antigénicamente complejo, lo que dificulta su control y prevención. Está compuesto por proteínas como la nucleocápside y las glicoproteínas GP2, GP3, GP4 y GP5. Esta última es crucial para la interacción del virus con la célula huésped y contiene epítomos inmunodominantes que generan una respuesta inmune contra el PRRSV. En Colombia es una enfermedad endémica que se presenta en más de 11 departamentos, y en alguno se ha logrado identificar 11 cepas.

Métodos: Este estudio se enfoca en la producción de una proteína recombinante basada en la fusión de la GP5 con la proteína de choque térmico Hsp90.3 de *Nicotiana benthamiana*, utilizada como *carrier*. Las propiedades chaperonas se han relacionado con un mejor plegamiento en sistemas bacterianos, lo cual incrementa su capacidad antigénica. Para esto, se amplificó el gen GP5 con sitios de restricción PstI y XhoI mediante PCR convencional. El ADN amplificado se purificó y se ligó a los vectores pGEMT (clonación) y pRSET-A (expresión); posteriormente se transformaron células competentes *BL21* y *Rosseta*, y se estandarizaron parámetros de expresión de la proteína recombinante como su reconocimiento por anticuerpos.

Resultados: Se confirmó la amplificación exitosa del gen GP5 (615 pb) y su clonación, confirmado por secuenciación, en la que se obtuvo una identidad del 97.84 %, tanto en su versión sola como fusionada con la Hsp90.3. Se expresó una proteína de 26 y 107 kDa, respectivamente. Estas reaccionaron con Ab anti6XHis y con sueros de cerdas seropositivas contra PRRSV.

Conclusiones: Estos avances representan una alternativa en el diagnóstico serológico de PRRSV y en el posible uso de otros sistemas de expresión en eucariotas.

Palabras clave: carrier, glicoproteína 5, PRRSV, proteína recombinante, diagnóstico.

ÁREA TEMÁTICA: Biotecnología.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.218>

ACV-2025-077

Obtención y caracterización de una proteína recombinante de la cápside del parvovirus porcino 5 (PPV5) unida a la proteína HSP90.3 de *Nicotiana benthamiana* como carrier

JUAN S. RODRÍGUEZ PACHÓN¹, ADÍS AYALA FAJARDO², JAIRO JAIME⁴,
DIANA S. VARGAS-BERMÚDEZ⁴, EDWIN F. SÁNCHEZ LÓPEZ³

- ¹ Semillero de Investigación en Bioquímica y Biología Molecular, Proyecto Curricular de Licenciatura en Química, Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá (Colombia).
- ² Directora del Semillero de Investigación en Bioquímica y Biología Molecular, Proyecto Curricular de Química, Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá (Colombia).
- ³ Investigador del Semillero de Investigación en Bioquímica y Biología Molecular, Proyecto Curricular de Licenciatura en Biología, Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá (Colombia).
- ⁴ Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Centro de Investigación en Infectología e Inmunología Veterinaria - CI3V, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Edwin F. Sánchez-López. efsanchezl@udistrital.edu.co. Adis Ayala-Fajardo. aayala@udistrital.edu.co

RESUMEN

Introducción: El crecimiento del sector porcícola a nivel mundial se ha visto impactado por los elevados índices de mutación de los virus que ocasionan trastornos reproductivos y respiratorios. Uno de los más representativos es el parvovirus porcino (PPV1 hasta PPV8); su alta tasa de mutación afecta los esquemas de diagnóstico y vacunación, ocasionando un 8 % de mortalidad a nivel mundial y grandes pérdidas económicas para el sector. El PPV5 ha sido poco estudiado y se encuentra relacionado a coinfecciones con otros patógenos, como circovirus porcino (PCV2) y virus del síndrome respiratorio y reproductivo porcino (PRRSV). Por ello, surge la necesidad de desarrollar bioproductos seguros, a bajo costo y específicos frente a las variantes que puedan generarse por los mecanismos de evolución de los agentes infecciosos.

Métodos: Este estudio buscó producir la proteína recombinante de la cápside del PPV5 sola o fusionada a la proteína Hsp90.3 de *Nicotiana benthamiana* como *carrier*. Para ello, se amplificó por PCR convencional el gen de la proteína de la cápside con tamaño de 1695 pb. Posteriormente, se clonó en el vector pGEM-T, y se subclonó en el vector de expresión pRSET-A solo y fusionado. Luego, se transformó en células competentes de expresión *E. coli* (BL21 - Rosetta) y se estandarizaron los niveles de expresión de las proteínas recombinantes, las cuales fueron purificadas mediante cromatografía de afinidad (IMAC) e identificadas con anticuerpos monoclonales (Anti6XHis). Adicionalmente, se realizó un *Western blot* para identificar la reactividad de las proteínas recombinantes producidas frente a sueros de cerdos seropositivos para PPV5.

Resultados: Los resultados de este proyecto representan un avance en el desarrollo de esquemas de detección, control y prevención más efectivos contra el PPV5.

Conclusiones: También se evaluará la expresión de estas proteínas en sistemas vegetales, buscando establecer una plataforma biotecnológica novedosa para la producción de proteínas recombinantes con potencial farmacéutico.

Palabras clave: parvovirus porcino, cápside, *carrier*, proteínas recombinantes, western blot, detección.

ÁREA TEMÁTICA: Biotecnología.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.219>

ACV-2025-078

Síntesis de una proteína recombinante para la detección serológica del circovirus porcino tipo 2 (PCV2)

FABIÁN L. SÁNCHEZ LÓPEZ¹, JAIRO JAIME², DIANA S. VARGAS-BERMÚDEZ²,
ADIS AYALA FAJARDO³, EDWIN F. SÁNCHEZ LÓPEZ⁴

¹ Proyecto Curricular de Licenciatura en Química. Grupo de investigación en Bioquímica y Biología Molecular (BBM), Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá (Colombia).

² Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Centro de Investigación en Infectología e Inmunología Veterinaria-CI3V, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá (Colombia).

³ Programa de Química. Directora del Grupo de Investigación en Bioquímica y Biología Molecular (BBM), Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá (Colombia).

⁴ Proyecto Curricular de Licenciatura en Biología (PCLB). Investigador Grupo de Bioquímica y Biología Molecular (BBM), Universidad Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Edwin F. Sánchez-López. efsanchezl@udistrital.edu.co. Adis Ayala-Fajardo. aayala@udistrital.edu.co

RESUMEN

Introducción: El circovirus porcino tipo 2 (PCV2) es un agente viral con alta distribución mundial y está asociado con trastornos reproductivos, siendo el causante de las enfermedades asociadas a circovirus porcino (PCVDA). En Colombia ha sido ampliamente reportado en las principales regiones productoras de porcinos, siendo un virus endémico, con alta tasa de mutación que genera nuevos genotipos emergentes asociados a fallas vacúnales y brotes más severos, lo cual dificulta su control. El virus PCV2 es de ADNss, con diámetro de 17 nm y sin envoltura, su genoma posee el marco de lectura ORF2, que codifica la proteína estructural cápside de 234 aminoácidos y ≈ 28 KDa, considerada la principal proteína inmunogénica. Por lo tanto, el objeto de este estudio es expresar en bacterias *E. coli* una proteína antigénica derivada de la cápside del PCV2 para la detección serológica de este virus.

Métodos: Se realizó una amplificación por PCR del gen cápside a partir del ADN viral de PCV2 aislado de porcinos infectados; posteriormente, este gen se ligó en los vectores pGEM-T y pRSET-A de forma aislada y fusionado con el gen de la Hsp90.3. Los plásmidos recombinantes se transformaron en células competentes *E. coli*, se evaluó los niveles de expresión, se purificó y se detectó la proteína recombinante mediante *Western blot*.

Resultados: Hubo amplificación del gen de la cápside del PCV2 de 719 pb. Este se logró expresar y su proteína fue purificada e identificada por anticuerpos de cerdas seropositivas para PCV2.

Conclusiones: La producción de proteínas recombinantes tiene potencial para su uso como herramientas diagnósticas, permitiendo el control efectivo de la circovirosis porcina, diferenciándolo de otras enfermedades y reduciendo pérdidas económicas para el sector. Adicionalmente, se probará la expresión en sistemas vegetales, la cual puede representar una vía más eficaz para la producción de proteínas antigénicas.

Palabras clave: proteína recombinante, PCV2, detección serológica, sistemas de expresión, clonación.

ÁREA TEMÁTICA: Antivirales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.220>

ACV-2025-079

Acción antiviral in vitro de un extracto de *Capsicum chinense* contra tres arbovirus de importancia en salud pública

ANGÉLICA BONILLA-PORRAS¹, NATALIA PÉREZ-MATEUS¹, LUISA FERNANDA ROJAS²,
MARLEN MARTINEZ-GUTIÉRREZ¹

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales (GRICA), Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia (Colombia).

² Grupo Sosteli, Sosteli Group S.A.S, El Retiro, Antioquia (Colombia).

Correspondencia: Marlen Martinez-Gutiérrez. marlen.martinezg@campusucc.edu.co

RESUMEN

Introducción: Las enfermedades transmitidas por vectores como el dengue, la fiebre del Zika y la fiebre de Chikungunya, causadas por los arbovirus zoonóticos DENV, ZIKV y CHIKV, representan un importante problema de salud global. Dado que comparten el mismo vector, es común la circulación simultánea y la coinfección en regiones como las Américas, incluyendo Colombia. El control actual se centra en el vector, pero la OMS recomienda desde 2009 priorizar la búsqueda de antivirales. En este contexto, el género *Capsicum* —que incluye ajíes y pimientos— es rico en compuestos bioactivos como capsaicina, carotenoides y flavonoides, con propiedades antioxidantes, antiinflamatorias, analgésicas, antimicrobianas y potencialmente antivirales. Este estudio evaluó el efecto antiviral de un extracto hidroalcohólico de *Capsicum chinense* (ají habanero), rico en capsaicinoides (capsaicina y dihidrocapsaicina) y flavonoides (quercetina, rutina, luteolina y ácido ferúlico), frente a DENV, ZIKV y CHIKV.

Métodos: Se determinó la concentración citotóxica 50 (CC50) mediante ensayo MTT en células VERO, seleccionando 40, 80 y 160 µg/mL para ensayos antivirales. El efecto antiviral se evaluó mediante plaqueo con tres estrategias PRE (adición de extracto antes de la infección), TRANS (adición de extracto al tiempo de la infección; y POST (adición de extracto luego de la infección).

Resultados: Se encontró un efecto antiviral con un porcentaje de inhibición de la infección mayor al 50% contra los tres arbovirus en la estrategia PRE-tratamiento en todas las concentraciones usadas; diferente a cuando se usó la estrategia POST-tratamiento en donde las tres concentraciones empleadas fueron muy efectivas para DENV y CHIKV, pero solo la mayor concentración tuvo efecto anti-ZIKV.

Conclusiones: Estos hallazgos sugieren que *Capsicum chinense* podría ser un fitomedicamento de amplio espectro, requiriéndose estudios posteriores para esclarecer sus mecanismos de acción.

Palabras clave: Virus chikungunya, virus dengue, virus zika, antivirales, fitomedicamentos, *Capsicum chinense*

ÁREA TEMÁTICA: Antivirales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.221>

ACV-2025-080

Efecto inhibidor de un extracto de *Curcuma longa* sobre la infección por virus chikungunya en células Vero

ANGÉLICA BONILLA-PORRAS¹, NATALIA PÉREZ-MATEUS¹, LUISA FERNANDA ROJAS²,
CARLOS TORRES², MARLEN MARTÍNEZ-GUTIÉRREZ¹

¹ Grupo Investigación en Ciencias Animales - GRICA, Facultad de Medicina Veterinaria
y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia (Colombia).

² Grupo Sosteli, Sosteli Group S.A.S, El Retiro, Antioquia (Colombia).

Correspondencia: Marlen Martínez-Gutiérrez. marlen.martinezg@campusucc.edu.co

RESUMEN

Introducción: El virus chikungunya (CHIKV) provoca en humanos un síndrome febril caracterizado por artralgia intensa, dolor muscular y erupción cutánea. Actualmente, el manejo se limita al control de síntomas y a medidas preventivas centradas en el control del vector, principalmente mosquitos hembra del género *Aedes* (*Ae. aegypti* y *Ae. albopictus*). Con políticas adecuadas, es posible reducir la transmisión de estos arbovirus; sin embargo, la ausencia de antivirales efectivos mantiene su impacto en salud pública, especialmente en zonas tropicales vulnerables, donde causa brotes recurrentes, alta morbilidad y secuelas articulares prolongadas. *Curcuma longa*, planta ampliamente utilizada en la medicina tradicional asiática, contiene curcuminoides con reconocidas propiedades antiinflamatorias, antioxidantes, antimicrobianas, hepatoprotectoras, anticancerígenas y neuroprotectoras. Su principal componente, la curcumina, ha demostrado actividad antiviral en estudios preclínicos, inhibiendo la entrada y replicación de distintos virus. Este estudio evaluó el efecto antiviral de un extracto de raíz de *Curcuma longa* obtenido mediante fluidos supercríticos contra CHIKV en células Vero.

Métodos: Se determinó la concentración citotóxica 50 (CC50) mediante ensayo MTT con cinco concentraciones, seleccionando 5, 10 y 20 µg/mL para pruebas antivirales. La eficacia antiviral (CE50) se evaluó mediante titulación por plaqueo en cuatro estrategias: (1) tratamiento de células previo a la infección, (2) preincubación del virus con el extracto, (3) tratamiento posterior a la infección, y (4) combinación de las tres.

Resultados: Los ensayos MTT mostraron viabilidades entre 117,7 y 57,6 % según la concentración. En las estrategias 1 y 2 no se observó inhibición significativa, mientras que en las estrategias 3 y 4 se logró inhibición superior al 50 %, alcanzando un 85,2 % al tratar las células después de la infección.

Conclusiones: Estos hallazgos sugieren que este extracto de *Curcuma longa* podría ser un candidato prometedor para el desarrollo de fitomedicamentos contra CHIKV, requiriéndose estudios adicionales para identificar los mecanismos de acción implicados.

Palabras clave: virus chikungunya, antivirales, fitomedicamentos, *Curcuma longa*.

ÁREA TEMÁTICA: Arbovirus.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.222>

ACV-2025-081

Evaluación de la exposición reciente a Arbovirus en donantes de sangre residentes en cuatro zonas geográficas de Colombia

CAROLINA CORONEL-RUIZ¹, BRIAN ALEJANDRO CÁCERES MUNAR¹, LAURA RIASCOS ORJUELA¹, JHAN ARTURO¹, WILLIAM PEREZ¹, CATALINA IBÁÑEZ¹, ADRIANA URBINA², AYDA RODRÍGUEZ³, TATIANA ORTIZ³, CELIA ALVARADO³, LUISA FERNANDA OSPINA³, KAREN GRANADOS³, OLGA LUCÍA FERNANDEZ³, IRIS FLÓREZ³, CLAUDIA SANTA RÍOS³, YORMARY ROBAYO³, ELIANA CALVO¹, FÉLIX DELGADO¹, JAIME CASTELLANOS¹

¹ Grupo de Virología, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque, Bogotá (Colombia).

² Grupo INPAC, Facultad de Medicina, Fundación Universitaria Sanitas, Bogotá (Colombia).

³ Banco Nacional de Sangre, Cruz Roja Colombiana (Colombia).

Correspondencia: Carolina Coronel-Ruiz. coronelcarolina@unbosque.edu.co

Financiación: Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación (MinCiencias), 768-2023.

RESUMEN

Introducción: Las infecciones por arbovirus representan un tema de interés en seguridad transfusional, con alta probabilidad de infección en los receptores de los hemocomponentes. El objetivo de este estudio fue identificar la exposición reciente a los arbovirus dengue (DENV), chikungunya (CHIKV) y Zika (ZIKV) en donantes de sangre de Colombia residentes en cuatro zonas geográficas del país.

Métodos: Se colectaron 1309 sueros de donantes de sangre de cuatro regiones de Colombia (Andina = 865, Pacífica = 304, Caribe = 70, Orinoquía = 70). Estos sueros se utilizaron para la detección de ARN de DENV, CHIKV y ZIKV por RT-PCR semianidada y la detección de anticuerpos IgM e IgG específicos.

Resultados: Se identificó ARN de DENV, CHIKV y ZIKV en 1.4, 3.1 y 1.8 %, respectivamente. La incidencia de las infecciones por arbovirus fue 9.08 (7.29 - 11.30). No se encontraron diferencias en la detección de los arbovirus de acuerdo con las áreas geográficas ($p = 0.679$). La frecuencia de muestras positivas para anticuerpos IgM fue DENV 6.7 %, CHIKV 1.8 %, ZIKV 3.43 %, sin diferencias significativas entre las regiones. La detección de exposición reciente al virus considerando la prueba molecular y serológica demostró que el 12.9 % ($n = 169$) de los donantes tuvieron exposición reciente (DENV 8.0 %, CHIKV 3.9 % y ZIKV 2.4 %), lo que indica que estos individuos están infectados o tuvieron infección por arbovirus semanas previas a la donación.

Conclusiones: Se evidenció exposición de los donantes de sangre a los arbovirus, lo que demuestra la circulación de estos virus, la transmisión y el desarrollo de infecciones asintomáticas recientes en la población. La prevalencia obtenida en este trabajo muestra una disminución respecto a prevalencia reportada en Colombia en donantes de sangre, lo que puede estar relacionado a la implementación de estrategias para la selección de donantes en las ciudades de las diferentes zonas geográficas del país.

Palabras clave: arbovirus, seguridad de la sangre, donantes de sangre, infecciones asintomáticas.

ÁREA TEMÁTICA: Virología estructural.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.223>

ACV-2025-082

Caracterización y dinámica de interacción de cepa autóctona de Uruguay del virus del dengue tipo 2 (DENV-2) con receptores celulares mediante una aproximación *in silico*

FLORENCIA CANCELA¹, SANTIAGO RENDON-MARIN², NATALIA GOÑI³,
SANTIAGO MIRAZO¹

¹ Laboratorio de Ecología Viral y Virus Zoonóticos, Unidad Académica de Bacteriología y Virología, Instituto de Higiene-Facultad de Medicina, Universidad de la República (Uruguay).

² Grupo de Investigaciones Biomédicas Uniremington, Facultad de Ciencias de la Salud, Programa de Medicina, Corporación Universitaria Remington, Medellín (Colombia).

³ Departamentos de Laboratorios de Salud Pública, Ministerio de Salud Pública (Uruguay).

Correspondencia: Santiago Mirazo. smirazo@higiene.edu.uy

RESUMEN

Introducción: La infección por el virus del dengue (DENV) es una de las arbovirosis más comunes en regiones tropicales y subtropicales, y constituye un importante problema de salud pública. En 2024, Uruguay registró un récord histórico de casos autóctonos (712) e importados (413), principalmente asociados a DENV-2. Las herramientas bioinformáticas son versátiles para analizar la relación patógeno-hospedero, incluyendo interacciones entre proteínas virales y receptores celulares. El objetivo de este estudio fue analizar *in silico* la interacción entre la glicoproteína E (gE) de cepas de DENV-2 de circulación autóctona y receptores celulares humanos involucrados en el ciclo replicativo.

Métodos: A partir de muestra de paciente agudo, la proteína gE de una cepa autóctona de DENV-2 se secuenció luego de PCR solapante, se predijo estructura secundaria y modeló con AlphaFold. El modelo fue refinado con ModRefiner y validado computacionalmente. Las estructuras de DC-SIGN, L-SIGN, heparán sulfato y cepa de DENV-2 de referencia se obtuvieron del PDB. Se realizaron simulaciones de acoplamiento molecular mediante HADDOCK y ClusPro, seguido de análisis de interacción de complejos gE-receptor, comparados con cepas reportadas.

Resultados: Se obtuvo la secuencia completa de la cepa autóctona mediante secuenciación. El modelo tridimensional obtenido luego del refinamiento mostró valores favorables de validación, con un 99 % de aminoácidos en regiones favorables. El análisis de alineamiento estructural y acoplamiento molecular mediante diferentes herramientas muestra una capacidad diferencial de interacción, mediante número de miembros por clúster y puntajes de acoplamiento, donde se conservan interfases de interacción, incluso con estructuras reportadas en el PDB para los receptores empleados.

Conclusiones: Es el primer estudio de caracterización molecular y estructural que se lleva a cabo utilizando cepas uruguayas de DENV-2. Futuros estudios *in vitro* e *in vivo* son necesarios para determinar si estas cepas poseen diferencias que determinen cambios en tropismo y patogénesis del DENV circulante en Uruguay.

Palabras clave: dengue, glicoproteína E, receptores humanos, *in silico*, Uruguay.

THEMATIC AREA: Pathogenesis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.224>

ACV-2025-083

Markers of Inflammation, Tissue Damage, and Fibrosis in Individuals Diagnosed with Human Immunodeficiency Virus and Pneumonia: A Cohort Study

KATHERINE PEÑA-VALENCIA^{1,2,3}, WILL RIAÑO^{2,4}, MARIANA HERRERA-DÍAZ⁵,
LUCELLY LÓPEZ^{2,6}, DIANA MARÍN^{2,6}, SANDRA GONZALEZ^{5,7}, OLGA AGUDELO-GARCÍA³,
IVÁN ARTURO RODRÍGUEZ-SABOGAL^{4,8}, LÁZARO VÉLEZ⁸, ZULMA VANESSA RUEDA^{2,5},
YOAV KEYNAN^{5,9,10,11}

¹ Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

² Grupo de Investigación en Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín (Colombia).

³ Grupo Bacterias & Cáncer, School of Medicine, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

⁴ School of Medicine, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

⁵ Department of Medical Microbiology and Infectious Disease, University of Manitoba, Winnipeg (Canada).

⁶ School of Medicine, Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín (Colombia).

⁷ JC Wilt Infectious Diseases Research Center, Winnipeg (Canada).

⁸ Infectious Diseases Section, Hospital Universitario San Vicente Fundación, Medellín (Colombia).

⁹ Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas (GRIPE), Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

¹⁰ Department of Internal Medicine, University of Manitoba, Winnipeg (Canada).

¹¹ Department of Community Health Sciences, University of Manitoba, Winnipeg (Canada).

Correspondence: Katherine Peña-Valencia. katherine.penav@udea.edu.co

ABSTRACT

Introduction: Previous studies have noted that persons living with human immunodeficiency virus (HIV) experience persistent lung dysfunction after an episode of community-acquired pneumonia (CAP), although the underlying mechanisms remain unclear. We hypothesized that inflammation during pneumonia triggers increased tissue damage and accelerated pulmonary fibrosis, resulting in a gradual loss of lung function.

Methods: We carried out a prospective cohort study of people diagnosed with CAP and/or HIV between 2016 and 2018 in three clinical institutions in Medellín, Colombia. Clinical data, blood samples, and pulmonary function tests (PFTs) were collected at baseline.

Results: Forty-one patients were included, divided into two groups: HIV and CAP ($n = 17$) and HIV alone ($n = 24$). We compared the concentrations of 17 molecules and PFT values between the groups. Notably, patients with HIV and pneumonia presented elevated levels of cytokines and chemokines (IL-6, IL-8, IL-18, IL-1RA, IL-10, IP-10, MCP-1, and MIP-1 β) compared to those with only HIV. A marked pulmonary dysfunction was evidenced by significant reductions in FEF25, FEF25-75, and FEV1. Moreover, the correlation between these immune mediators and lung function parameters supports the connection between pneumonia associated inflammation and end-organ lung dysfunction. A low CD4 cell count (< 200 cells/ μ L) predicted inflammation and lung dysfunction.

Conclusions: These results underscore the need for targeted clinical approaches to mitigate the adverse impacts of CAP on lung function in this population.

Keywords: inflammation, cytokines, pulmonary dysfunction, HIV, pneumonia.

ÁREA TEMÁTICA: Zoonosis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.225>

ACV-2025-084

Detección molecular (qPCR) de Pan-Coronavirus y Pan-Paramixovirus en muestras de guano de dos comunidades de murciélagos en Cañasgordas (Antioquia) y Norcasia (Caldas)

CRISTINA ÚSUGA-MONROY¹, JUANITA BARRERA-VARGAS¹, DAISY A. GÓMEZ-RUIZ²

¹ Grupo GIPAB, Facultad de Ciencias Agrarias y del Ambiente, Universidad Francisco de Paula Santander, Ocaña (Colombia).

² Grupo GINVER, Facultad de Medicina Veterinaria, Corporación Universitaria Remington, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Cristina Úsuga-Monroy. cristina.usuga@uniremington.edu.co

RESUMEN

Introducción: Los murciélagos son un grupo de mamíferos con amplia distribución mundial y su papel en el mantenimiento de los ecosistemas es muy importante. Sin embargo, son reservorios de una gran diversidad de virus, entre ellos miembros de la familia de *Coronaviridae* y *Paramyxoviridae* (virus ssRNA), algunos de los cuales tienen potencial zoonótico. El objetivo de este estudio fue detectar la presencia molecular de dos familias de virus (*Coronaviridae* y *Paramyxoviridae*) en muestras de guano de dos ensamblajes de murciélagos en los municipios de Cañasgordas (Antioquia) y Norcasia (Caldas).

Métodos: Se realizaron capturas de murciélagos con redes de niebla durante 4 noches. Se tomaron datos morfométricos y del estado de salud general de los individuos. Se colectaron heces enteras de 15 murciélagos, las cuales se depositaron en tubos de 1.5mL con 50uL de RNAlater y transportadas en nitrógeno líquido. Se realizó la extracción de RNA y una qPCR (un solo paso) con 20 ng de cada muestra para amplificar cada una de las familias de virus. Se definió un threshold del 0.05 para el ensayo, se validó el control positivo y negativo ($ct < 35$).

Resultados: La especie más predominante fue *Carollia perspicillata*. Todos los individuos se presentaban sanos, sin ninguna presencia sintomática de enfermedad. Se obtuvo una frecuencia general del 26.67 % para Coronavirus y de 46.67 % para Paramixovirus. Para el ensamblaje de Cañasgordas, la frecuencia fue de 27.27 y 54.55 %, respectivamente, mientras que para Norcasia fue de 25.00 % para ambas familias virales.

Conclusiones: La extracción de RNA de heces es una herramienta rápida para el diagnóstico efectivo de agentes virales. El seguimiento molecular de estos virus en poblaciones de murciélagos es fundamental para contribuir con el entendimiento del papel de los murciélagos como reservorios de estos agentes, además de identificar patrones de transmisión y factores ambientales que influyen en la emergencia de virus.

Palabras clave: detección, vigilancia, diversidad, *Carollia* sp.

ÁREA TEMÁTICA: Arbovirus.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.226>

ACV-2025-085

Detección de la infección por DENV y ZIKV en mujeres embarazadas y complicaciones materno-fetales: una revisión sistemática con metaanálisis

SANTIAGO A. FRANCO-AGUIRRE¹, MARIANA HURTADO-PINILLOS²,
MARÍA C. PUERTA ARIAS², JULIÁN RUIZ SÁENZ³, MARLEN MARTÍNEZ-GUTIÉRREZ¹,
JAIME A. CARDONA-OSPINA³

¹ Grupo de Investigación de Microbiología Básica y Aplicada, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

² Grupo de Investigación Biomedicina, Facultad de Medicina, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas - Institución Universitaria Visión de las Américas, Pereira (Colombia).

³ Grupo de Investigación en Ciencias Animales, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia, Bucaramanga (Colombia).

Correspondencia: Marlen Martínez-Gutiérrez. marlen.martinez@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: La infección ZIKV y DENV durante el embarazo se ha asociado a un incremento de efectos adversos, tanto para la madre como para el feto/neonato. Por ello, se llevó a cabo una revisión sistemática con metaanálisis con el objetivo de evaluar el efecto de la infección por ZIKV y DENV durante la gestación en la ocurrencia de complicaciones materno-fetales.

Métodos: La búsqueda se realizó en las bases de datos Pubmed, Web of Science y Scopus utilizando la estrategia de búsqueda “(Dengue OR Zika) AND (pregnancy) AND (screening OR outcomes)”, siguiendo las recomendaciones de la declaración PRISMA. Se incluyeron estudios observacionales que informaban datos originales sobre infecciones por ZIKV o DENV en mujeres embarazadas, diagnosticadas mediante métodos de laboratorio y evaluaban resultados adversos maternos-fetales durante el embarazo.

Resultados: La búsqueda identificó 3152 estudios publicados, después del tamizaje por título, se evaluó la elegibilidad de 455 estudios. Finalmente, se incluyeron un total de 90 manuscritos para la revisión sistemática y 35 para el metaanálisis. El aborto fue la complicación materna más reportada en mujeres infectadas por ZIKV. Entre los desenlaces fetales asociados al ZIKV, las anomalías cerebrales fueron las más frecuentes, destacando la microcefalia. En el caso del DENV, el desenlace fetal más común fue el parto prematuro. Se identificó que la infección por ZIKV en mujeres embarazadas incrementa el riesgo de aborto (OR=1.68, 95 % IC:1.15 - 2.46, I²:0 %), muerte fetal (OR = 1.68, 95 % IC:1.12 - 2.51, I²:0 %), microcefalia (OR = 3.85, 95 % IC:1.97 - 7.50, I²:27.8 %), nacimiento prematuro (OR = 1.32, 95 % IC:1.04 - 1.67, I²:14.03 %) y en la ocurrencia de cualquier efecto adverso (OR = 2.19, 95 % IC:1.55 - 3.09, I²:39.46 %); para la infección por DENV se identificó que incrementa el riesgo de mortalidad materna (OR = 9.03, 95 % IC:2.09 - 39.02, I²:41.07 %) y muerte fetal (OR = 1.93, 95 % IC:1.06 - 3.50, I²:0 %).

Conclusiones: Este metaanálisis evidencia la relevancia clínica de ZIKV y DENV en el desarrollo de complicaciones materno-fetales.

Palabras clave: Zika virus, dengue virus, embarazo, tamizaje, complicaciones materno-fetales.

ÁREA TEMÁTICA: Antivirales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.227>

ACV-2025-086

Efecto antiviral de extractos de café en un modelo *in vitro* de infección por virus dengue y análisis *in silico*

GUSTAVO GAITÁN VELOZA¹, VANESSA LOAIZA CANO¹, LUISA FERNANDA ROJAS^{2,3},
MARLEN MARTÍNEZ GUTIÉRREZ⁴

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales (GRICA), Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia, Bucaramanga (Colombia).

² Grupo de Biotransformación, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

³ Sosteli Group S.A.S, El Retiro, Antioquia (Colombia).

⁴ Línea de Descubrimiento y Evaluación de Compuestos Antivirales, Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Marlen Martínez Gutiérrez. marlen.martinez@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: La enfermedad del dengue es un problema de salud pública mundial debido al control vectorial ineficiente, acceso limitado a vacunas y falta de antivirales. Los extractos naturales provenientes de residuos de café generan interés por su potencial terapéutico. Estos presentan metabolitos con capacidad bioactiva y antiviral, destacándose como fuente prometedora para desarrollar compuestos antivirales.

Métodos: Se evaluó el efecto antiviral *in vitro* e *in silico* de extractos de cáscara de café de *Coffea arabica* contra los cuatro serotipos del DENV. Se evaluó la viabilidad de células U937 por MTT. Se utilizaron estrategias antivirales combinada, pre-, trans- y postratamiento en células infectadas con cada uno de los cuatro serotipos de DENV (MOI: 0.5). Se cuantificaron UFP/mL, copias genómicas/mL y proteínas virales mediante plaqueo, qPCR y Cell-ELISA, respectivamente. El acoplamiento molecular se realizó con AutoDockVina®, y las interacciones se visualizaron con PyMoL y LigPlot+2.

Resultados: Con la evaluación de la viabilidad celular se determinó el uso del extracto al 0.063 %; la estrategia combinada resultó en la inhibición de partículas virales infecciosas, con disminuciones del 85.3 % (DENV-1), 86.7 % (DENV-2), 95.1 % (DENV-3) y 39.6 % (DENV-4); las estrategias pre-, trans- y postratamiento evidenciaron efecto virucida contra DENV-2, con un 74,2 % de inhibición, y actividad inhibitoria en postratamiento contra DENV-1, DENV-2 y DENV-3 del 42.4, 31.1 y 38.3 %, respectivamente. Solo hubo inhibición de copias genómicas/mL en DENV-3 de 51.6 %, sin disminución de proteínas virales; sugiriendo en los otros serotipos interferencia en fases tardías como ensamblaje, maduración o liberación viral. *In silico*, el ácido dicafeoilquinico mostró mejor afinidad con proteínas E y NS2B-NS3 de DENV-2, el ácido clorogénico con NS5 de DENV-3.

Conclusiones: Se presentó un efecto antiviral dependiente del serotipo, y se destaca el potencial del extracto de cáscara de café como fuente de compuestos bioactivos para el desarrollo de terapias alternativas contra la infección por DENV.

Palabras clave: antiviral, dengue, productos naturales, U937, café, bioeconomía.

ÁREA TEMÁTICA: Marcadores de infección viral.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.228>

ACV-2025-088

Desempeño de pruebas rápidas y de ELISA en el diagnóstico de infección por rotavirus en menores de 5 años con diarrea: revisión sistemática de la literatura y metaanálisis

SERGIO IVÁN GARCÍA¹, SANTIAGO RENDON-MARÍN²,
MARLÉN MARTÍNEZ GUTIÉRREZ^{1,3}, JULIÁN RUIZ SÁENZ¹

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales (GRICA), Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia, Bucaramanga (Colombia).

² Grupo de Investigaciones Biomédicas Uniremington, Facultad de Ciencias de la Salud, Programa de Medicina, Corporación Universitaria Remington, Medellín (Colombia).

³ Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Julián Ruiz Sáenz. julian.ruizs@campusucc.edu.co

RESUMEN

Introducción: La gastroenteritis por rotavirus (RVA) es una de las principales causas de morbi-mortalidad en niños menores de 5 años. El diagnóstico rápido y confiable es clave para implementar medidas terapéuticas que reduzcan la mortalidad asociada a la infección. Entre los métodos para diagnosticar esta infección está el inmunoensayo ELISA, con alta sensibilidad y especificidad, pero requiere personal calificado para su ejecución e interpretación. Este trabajo evaluó el desempeño de pruebas rápidas para el diagnóstico del RVA en menores de 5 años con diarrea, comparadas con el inmunoensayo ELISA mediante revisión sistemática de la literatura (RSL) y metaanálisis.

Metodología: Se realizó una búsqueda en PubMed, Scopus, Embase y Redalyc; mediante las palabras clave “Rotavirus”, “Rapid diagnostic test”, “Enzyme-Linked Immunosorbent Assay”, “Diagnosis” y “Child”, con sintaxis diferencial por base de datos y sin restricción idiomática. Se incluyeron los estudios que evaluaban pruebas rápidas en niños menores de 5 años y utilizaban ELISA como referencia. En el metaanálisis se incluyeron aquellas publicaciones que tenían información para construir tablas de 2*2.

Resultados: De un total de 407 publicaciones, se incluyeron siete en la RSL y cinco en el metaanálisis. Se obtuvo una sensibilidad y especificidad combinada, ambas, de 97 % (IC 95 %: 95 %-98 y 96 %-98 %, respectivamente), con razón de verosimilitud positiva de 27.49 (IC 95 %: 8.06-93.77) y negativa de 0.04 (IC 95 %: 0.02-0.06), lo que indicó un buen desempeño diagnóstico de las pruebas rápidas. Este no se vio afectado por dos estudios que presentaron una especificidad más baja, en comparación con los demás estudios del metaanálisis.

Conclusiones: Las pruebas rápidas para RVA mostraron excelente desempeño diagnóstico, con alta sensibilidad y especificidad en niños menores de 5 años con diarrea, lo que permitiría orientar un soporte médico adecuado; y así contribuir en la disminución de la mortalidad asociada a la infección por RVA.

Palabras clave: rotavirus, ELISA, prueba de antígenos, sensibilidad, especificidad, desempeño diagnóstico.

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 *Orthopicornavirus*. En suero predominaron *Pegivirus hominis* y *Circovirus* sp.; en materia fecal, *Picornavirus* sp. *Sapovirus* sp. y *Enterovirus*. La cobertura del segmento 2 de *Orthopicornavirus* 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.

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.

THEMATIC AREA: Omics.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.231>

ACV-2025-091

Lung Microbiota and Pulmonary Function in People with HIV and/or Pneumonia: An Exploratory Study

KATHERINE PEÑA-VALENCIA^{1,2,3}, JUAN PABLO ISAZA^{4,5}, MICHAEL BECKER^{6,7},
BREANNE M. HEAD⁶, LUCELLY LÓPEZ^{2,5}, JHONATAN PEÑA-VALENCIA⁸,
IVÁN RODRIGUEZ⁹, DIANA MARÍN^{2,5}, LÁZARO VÉLEZ^{9,10,11}, ZULMA VANESSA RUEDA^{2,5,7},
YOAV KEYNAN^{7,12,13}

¹ Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

² Grupo de Investigación en Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín (Colombia).

³ Grupo Bacterias & Cáncer, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

⁴ Grupo de Biología de Sistemas, Facultad de Medicina, Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín (Colombia).

⁵ Facultad de Medicina, Escuela de Ciencias de la Salud, Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín (Colombia).

⁶ JC Wilt Infectious Diseases Research Center, Winnipeg, Manitoba (Canada).

⁷ Department of Medical Microbiology and Infectious Diseases, University of Manitoba, Winnipeg (Canada).

⁸ Jirka IT Company I+D, Bogotá D.C. (Colombia).

⁹ Hospital Universitario San Vicente Fundación, Medellín (Colombia).

¹⁰ Grupo de Investigación de Problemas en Enfermedades Infecciosas-GRIFE, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

¹¹ Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

¹² Department of Internal Medicine, Max Rady College of Medicine, University of Manitoba, Winnipeg (Canada).

¹³ Department of Community Health Sciences, University of Manitoba, Winnipeg (Canada).

Correspondence: Katherine Peña-Valencia. Katherine.penav@udea.edu.co

ABSTRACT

Introduction: The human lung harbors a diverse microbiota that influences respiratory health. In people living with HIV (PLHIV), chronic inflammation and immunosuppression increase susceptibility to community-acquired pneumonia (CAP) and pulmonary function decline. However, the role of the lung microbiota in these outcomes remains poorly understood. Therefore, we sought to explore the relationship between lung microbiota composition and pulmonary function in PLHIV, with and without CAP.

Methods: We conducted a prospective cohort study in three hospitals in Medellín, Colombia (2016–2018). Adult patients with HIV and/or CAP were included, with respiratory samples and spirometry performed at hospital admission and at six-month follow-up. The subcohort analyzed comprised 12 patients: 5 with HIV+CAP, 3 with CAP, and 4 with HIV. Spirometric parameters (FVC, FEV1, FEV1/FVC, FEF25–75) and microbial diversity (Shannon index, OTUs) were assessed. Lung microbiota profiling was performed by 16S rRNA gene sequencing.

Results: Median age was 58 years, and 66.7% were male. In the HIV+CAP group, *Mycobacterium tuberculosis* was detected in 60% and *Pneumocystis jirovecii* in 40% of cases. From baseline to follow-up, median FEV1 increased from 1.80 L to 2.09 L, and FEF25–75 from 3.13 L/s to 3.00 L/s; FEV1/FVC remained stable (0.82). Median change in Shannon index was 0.5 (IQR: 0.1–1.5), and OTUs –6 (IQR: –40 to 19), indicating individual fluctuations in microbial diversity. The predominant phyla were Firmicutes, Proteobacteria, Fusobacteria, Bacteroidetes, and Actinobacteria. At the genus level, *Streptococcus*, *Haemophilus*, *Veillonella*, *Neisseria*, and *Fusobacterium* were most abundant. In this subcohort of PLHIV and/or CAP patients, changes in pulmonary function coexisted with variability in lung microbiota diversity between admission and follow-up.

Conclusions: The identification of dominant taxa and characterization of their dynamics provides a basis for further studies assessing the interaction between lung microbiota and respiratory impairment in immunocompromised populations.

Keywords: lung microbiota, pulmonary function, HIV, pneumonia.

ÁREA TEMÁTICA: Virus de plantas.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.232>

ACV-2025-092

Identificación de virus en cultivos de tomate de Colombia mediante Secuenciación de Nueva Generación (NGS)

JULIANA SÁNCHEZ YALÍ¹, LINA MARÍA GÓMEZ CARDONA¹,
JHOAN DAVID SALAZAR NOREÑA¹, KARINA ANDREA ARDILA PULGARÍN¹,
PABLO ANDRÉS GUTIÉRREZ SÁNCHEZ¹, MAURICIO MARÍN MONTOYA¹

¹ Laboratorio de Microbiología Industrial, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín (Colombia).

Correspondencia: Juliana Sánchez Yalí. jsanchezy@unal.edu.co. Lina María Gómez Cardona. ligomezca@unal.edu.co

RESUMEN

Introducción: El cultivo de tomate es uno de los renglones agrícolas de mayor importancia para el mercado internacional hortofrutícola. En Colombia, este cultivo es afectado por un gran número de fitopatógenos, entre los que se destacan los virus, de los cuales se han reportado al menos 20 especies diferentes.

Métodos: En este trabajo se utilizó la metodología molecular de secuenciación de nueva generación (NGS) para evaluar el viroma del tomate, a partir de tejido foliar de las variedades chonto y cherry de diferentes departamentos. Para esto se realizó extracción de RNA total de un *bulk* de muestras de cada variedad y se procedió a la síntesis de librerías con el kit *TruSeq stranded total RNA / Ribo-Zero*. La secuenciación se realizó para *reads* pareados de 100 pb en la plataforma Illumina NovaSeqX. Los análisis bioinformáticos se realizaron utilizando diferentes herramientas, incluyendo Blast local, PVDP, Virfind y Viroscope.

Resultados: Se detectaron en la muestra de la variedad chonto la presencia putativa de al menos 10 virus de RNA de los géneros *Crinivirus*, *Tombusvirus*, *Tobamovirus*, *Alphanecrovirus*, *Torradovirus*, *Amalgavirus*, *Carlavirus* y de cuatro virus de DNA de los géneros *Begomovirus* y *Badnavirus*. Los genomas virales con mejores niveles de cobertura correspondieron a PYVV (*Crinivirus*), TBSV (*Tombusvirus*) y a un alphanecrovirus no identificado a nivel de especie. Para el caso de tomate cherry, se identificaron cinco virus putativos de RNA de los géneros *Tobamovirus*, *Polerovirus* y *Tombusvirus*, además de dos begomovirus, destacándose por su abundancia ToBRFV (*Tobamovirus*) y PeVYVs (*Polerovirus*).

Conclusiones: Con los ensamblajes de las secuencias obtenidas se obtendrán *primers* específicos para la validación por RT-PCR convencional y/o en tiempo real de la ocurrencia de los virus de RNA y por RCA/PCR de los virus de DNA. Se espera que este trabajo permita actualizar el conocimiento que actualmente se tiene del viroma de tomate en Colombia.

Palabras clave: virus de plantas, secuenciación de nueva generación, fitopatología, bioinformática, *Solanum lycopersicum*.

ÁREA TEMÁTICA: Virus emergentes.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.233>

ACV-2025-093

***Pintomyia evansi* como potencial vector de flebovirus del complejo aguacate en zonas urbanas del municipio de Sincelejo (Sucre)**

ALEXANDER JAVIER BEDOYA-POLO¹, LUIS ROBERTO ROMERO-RICARDO¹,
LUIS ENRIQUE PATERNINA GÓMEZ¹

¹ Grupo de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Educación y Ciencias, Universidad de Sucre (Colombia).

Correspondencia: Alexander Javier Bedoya Polo. alexanderbedoy1294@gmail.com

RESUMEN

Introducción: Los flebotomíneos (Diptera: Psychodidae) desempeñan un papel importante en el área de la salud pública, debido a su capacidad para transmitir una amplia variedad de agentes infecciosos; entre ellos varios arbovirus patógenos del género *Phlebovirus*, los cuales pueden ocasionar enfermedades en humanos. El reciente hallazgo de estos virus circulando en flebotomíneos de zonas rurales de la costa caribe colombiana motivó a evaluar su presencia en áreas urbanas de la ciudad de Sincelejo (Sucre).

Métodos: Para lograrlo, se capturó durante un año insectos flebotomíneos en cinco localidades de este municipio (Villa Paz, La Pollita, San Nicolás, Puerta Roja y Veinte de Enero) usando trampas de luz tipo CDC. En cada recolecta, los insectos se transportaron al laboratorio, donde se realizó su identificación taxonómica y organización en grupos de 10 a 50 individuos según la especie y sitio de muestreo para realizar la extracción del ARN y retrotranscripción, para obtener ADNc, el cual se usó en la detección de flebovirus mediante PCR, utilizando cebadores que amplifican un fragmento de 590 pb del segmento L del genoma del género *Phlebovirus*; posteriormente, la muestra fue secuenciada y, finalmente, editada y analizada mediante bioinformática.

Resultados: Se capturaron 4485 flebotomíneos en los cinco sitios intervenidos, los cuales se distribuyeron en 10 especies de flebotominos, siendo *Pintomyia evansi* la especie con mayor frecuencia (60,0 %). Adicionalmente, el virus se detectó en un grupo de *Pi. evansi*. La secuencia obtenida mostró una similitud de 96 % con la especie *Phlebovirus ixcanalense*, y los análisis de Máxima verosimilitud realizados con secuencias aminoácídicas de 67 flebovirus identificados en el ICTV, confirman su relación en un clado monofilético.

Conclusiones: Este hallazgo resulta relevante dado que es el primer registro de flebovirus en flebotominos con hábitos antropofílicos de áreas urbanas de Sincelejo, lo que supone un riesgo de infección por este virus en estas zonas.

Palabras clave: flebotomíneos, *Phlebovirus*, vector.

ÁREA TEMÁTICA: Zoonosis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.234>

ACV-2025-094

Detección de virus potencialmente zoonóticos en murciélagos de ecosistemas disturbados del departamento del Quindío, y modelamiento de distribución de riesgo para la región de los Andes (Colombia)

JURANNY MILENA ASTORQUIZA O.¹, LEONARDO PADILLA¹, LUZ HELENA PATIÑO²

¹ Grupo de Inmunología Molecular (GYMOL), doctorado en Ciencias Biomédicas, Universidad de Quindío (Colombia).

² Centro de Investigaciones en Microbiología y Biotecnología (CIMBIUR), Universidad del Rosario, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Juranny Milena Astorquiza O. jurannym.astorquizao@uqvirtual.edu.co

RESUMEN

Introducción: Los murciélagos (Chiroptera) poseen una alta riqueza de especies y diversidad funcional, participan de múltiples dinámicas ambientales, interactuando con un sinnúmero de especies en escenarios variados, por lo que están constantemente expuestos a la adquisición de cargas virales. Estas especies son consideradas reservorios efectivos de agentes infecciosos que representan riesgos a la salud humana y animal. Con 221 especies, Colombia es el segundo país con mayor diversidad de murciélagos en el mundo; el departamento Quindío acumula el 25 % de esta riqueza, diferencialmente distribuida en respuesta a sus pisos térmicos en un gradiente de elevación entre los 900 y los 4000 m s. n. m. El objetivo de este estudio es detectar posibles patógenos relevantes para la salud pública asociados a murciélagos en ecosistemas disturbados y predecir su distribución geográfica en la región de los Andes de Colombia.

Métodos: Se hicieron capturas con redes de niebla en áreas con alteración humana en el departamento del Quindío. Se tomaron muestras de saliva de todos los individuos capturados; estas fueron analizadas mediante PCR convencional y secuenciación metagenómica para identificar familias virales. Los análisis preliminares revelaron la presencia de secuencias pertenecientes a las familias Flaviviridae y Coronaviridae, principalmente de murciélagos frugívoros. Adicionalmente, desarrollamos un modelo predictivo de distribución de riesgo zoonótico para estas familias virales a lo largo de la región de los Andes en Colombia mediante técnicas de Machine Learning, integrando principalmente variables ambientales.

Resultados: Los resultados parciales sugieren que los ecosistemas de montaña presentan condiciones que podrían favorecer un mayor riesgo de circulación viral, especialmente en áreas con gradientes altitudinales y fragmentación de hábitats.

Conclusiones: Estos hallazgos, aunque preliminares, refuerzan la necesidad de sistemas de alerta temprana y vigilancia integrada bajo el enfoque One Health en regiones de alta biodiversidad. El análisis completo, actualmente en curso, permitirá precisar la diversidad viral y validar los modelos predictivos generados.

Palabras clave: áreas disturbadas, Andes de Colombia, modelos de distribución, murciélagos, virus zoonóticos.

ÁREA TEMÁTICA: Antivirales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.512.235>

ACV-2025-095

Potencial antiviral del compuesto abietano C126 frente a SARS-CoV-2: inhibición de etapas tempranas y efecto virucida

VANESSA LOAIZA-CANO¹, LILIANA BETANCUR-GALVIS²,
MIGUEL ÁNGEL GONZALEZ-CARDENETE³, MARLEN MARTINEZ-GUTIERREZ^{1,4}

¹ Grupo Investigación en Ciencias Animales (GRICA), Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia (Colombia).

² Grupo de Microbiología Ambiental, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

³ Universidad Politécnica de Valencia, Instituto de Tecnología Química (UPV-CSIC), Valencia (España).

⁴ Grupo de Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA), Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Marlen Martínez-Gutiérrez. marlen.martinezg@campusucc.edu.co

RESUMEN

Introducción: SARS-CoV-2, causante de la COVID-19, ha generado una crisis sanitaria global sin precedentes, con millones de casos y muertes desde su aparición en 2019. Aunque la vacunación ha sido fundamental para reducir la gravedad y mortalidad, la continua aparición de variantes plantea desafíos a la inmunidad y eficacia de las vacunas. En este contexto, el desarrollo de antivirales efectivos es crucial para complementar la prevención y ofrecer opciones terapéuticas. Los antivirales permiten reducir la carga viral, mitigar síntomas, prevenir complicaciones y limitar la transmisión, constituyendo una herramienta esencial en el control integral de la pandemia. Por otro lado, los compuestos de tipo abietano han demostrado ser activos contra varios virus con genoma ARN.

Métodos: En este trabajo se evaluó el efecto de 14 diterpenoides de abietano (con diferencias estructurales entre ellos) contra la infección *in vitro* por SARS-CoV-2. La viabilidad de células vero en presencia de cinco concentraciones de cada compuesto fue determinada por MTT. A concentraciones no citotóxicas, se evaluó el efecto antiviral por diferentes estrategias por el método de plaqueo.

Resultados: Solo dos de los compuestos inhibieron SARS-CoV-2 en estrategia combinada: C123, un 32.6 %, y C126, un 76.0 %, considerando este último el más promisorio, por lo que se llevó a las estrategias antivirales individuales. C126 redujo la infección un 42 % cuando fue adicionado antes de la inoculación viral y un 39 % cuando fue adicionado junto con el virus.

Conclusiones: Estos resultados en conjunto indican que el compuesto C126 (sin otro radical en el anillo C más que el isopropilo) tiene potencial para ser antiviral contra SARS-CoV-2, y que su efecto, por un lado, es virucida (actuando directamente sobre la partícula viral) y, por otro, estaría inhibiendo etapas tempranas o procesos celulares relacionados con el proceso de infección, pero se requieren estudios posteriores para identificar con mayor precisión el mecanismo viral involucrado.

Palabras clave: SARS-CoV-2, antivirales, abietanos.

ÁREA TEMÁTICA: Virus de plantas.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.616.062>

ACV-2025-096

Detección de *Tobamovirus fructirugosum* (*Tomato brown rugose fruit virus* - ToBRFV) en cultivos y semillas de tomate en 12 departamentos de Colombia

JULIANA SÁNCHEZ YALÍ¹, MARÍA FERNANDA CORONADO DÍAZ¹,
JERÓNIMO MARULANDA PULGARÍN¹, PABLO ANDRÉS GUTIÉRREZ SÁNCHEZ¹,
MAURICIO MARÍN MONTOYA¹

¹ Laboratorio de Microbiología Industrial, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional
de Colombia sede Medellín (Colombia).

Correspondencia: María Fernanda Coronado Díaz. mcoronado@unal.edu.co

RESUMEN

Introducción: *Tobamovirus fructirugosum* (*Tomato brown rugose fruit virus* - ToBRFV) es un virus emergente de gran impacto para la producción de tomate (*Solanum lycopersicum*) a través del mundo. Aunque su reporte inicial tan solo data de los años 2014-2015 en Jordania e Israel, actualmente se ha registrado afectando cultivos de tomate de más de 50 países. En Colombia fue inicialmente reportado en 2024 en semillas obtenidas de frutos adquiridos en diferentes supermercados, y posteriormente, en tejido foliar de cultivos de tomate del departamento de Antioquia.

Métodos: En este trabajo se evaluó la presencia de este virus en tejido foliar de al menos un cultivo de tomate de 12 departamentos de Colombia, utilizando pruebas moleculares de RT-qPCR con sonda Taqman y los *primers* ToBRFV_qs1/ToBRFV_qas2/sonda ToBRFV_p1. Además, se evaluó el ToBRFV en 20 muestras de semillas no comerciales y en cinco muestras de semillas comerciales.

Resultados: La presencia del virus se detectó en el 90 % de las muestras foliares y en todos los departamentos evaluados, con valores de Ct en el rango 8-38 ($\bar{X}=28,4$; $\sigma=7,7$). Para el caso de las semillas, se detectó el ToBRFV en el 75 % de las muestras no comerciales ($\bar{X}=23,8$; $\sigma=8,6$) y en tres de las cinco comerciales. La confirmación de la ocurrencia del ToBRFV se realizó por secuenciación tanto del genoma parcial del virus mediante HTS como de los amplicones generados por RT-PCR convencional de las regiones que codifican para CP, MP y RdRp, mediante Sanger. Los análisis filogenéticos obtenidos indicaron que los aislamientos de este virus en Colombia presentan niveles de identidad superiores al 99 % con respecto al clado global de ToBRFV.

Conclusiones: Estos hallazgos indican la necesidad de fortalecer en el país los procesos de certificación de semilla de tomate y pimentón con énfasis en su sanidad viral.

Palabras clave: *Tobamovirus fructirugosum*, RT-qPCR con sonda Taqman.

ÁREA TEMÁTICA: Virus de plantas.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.616.063>

ACV-2025-097

Análisis del viroma de frutos de pimentón (*Capsicum annuum*) en Antioquia (Colombia)

YISETH FAJARDO TORRADO¹, JERÓNIMO MARULANDA PULGARÍN¹,
JULIANA SÁNCHEZ YALÍ¹, KARINA ANDREA ARDILA PULGARIN¹,
PABLO ANDRÉS GUTIÉRREZ SÁNCHEZ¹, MAURICIO MARÍN MONTOYA¹

¹ Laboratorio de Microbiología Industrial, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional
de Colombia sede Medellín (Colombia).

Correspondencia: Juliana Sánchez Yalí. jsanchezy@unal.edu.co

RESUMEN

Introducción: El pimentón (*Capsicum annuum*) es uno de los productos hortofrutícolas más importantes para la región Andina de Colombia. En el mundo se han reportado al menos 50 especies de virus que afectan a este cultivo, siendo los virus de los géneros *Potyvirus*, *Orthotospovirus*, *Tobamovirus* y *Begomovirus* algunos de los más limitantes para su producción. En Colombia, el nivel de conocimiento que se tiene del viroma del pimentón es muy incipiente, motivo por el cual se realizó este trabajo.

Métodos: Se utilizó la metodología molecular de secuenciación de nueva generación (NGS) a partir de un *bulk* de muestras de RNA total derivadas del pericarpo de frutos de pimentón variedad California Wonder, obtenidos en supermercados del departamento de Antioquia. La secuenciación se realizó a partir de una librería de cDNA obtenida con el kit *TruSeq stranded total RNA / Ribo-Zero* en la plataforma Illumina NovaSeqX, con un total de 4 Gpb y *reads* pareados (PE) de 100 pb. Los análisis bioinformáticos se realizaron utilizando diferentes herramientas, incluyendo Blast local, PVDP, Virfind y Viroscope.

Resultados: Los resultados indicaron la presencia putativa de los virus *Orthotospovirus alstroemeriae* (ANSV), *Alphaendornavirus capsici* (BPEV), *Polerovirus PLRV* (PLRV) y *Tobamovirus fructirugosum* (ToBRFV). Pruebas posteriores de RT-PCR convencional y en tiempo real permitieron confirmar la presencia de ANSV y ToBRFV en las muestras evaluadas, mientras que la evaluación de PLRV y BPEV se encuentra en proceso. Adicionalmente, se realizará la detección de estos virus directamente en semilla de pimentón, a partir de pruebas moleculares en brotes derivados de su germinación en medio Murashige & Skoog bajo condiciones de cultivo *in vitro*.

Conclusiones: Se espera que este trabajo permita actualizar el conocimiento que actualmente se tiene del viroma de pimentón en Colombia y de los mecanismos de transmisión de los virus detectados.

Palabras clave: viroma, secuenciación de nueva generación.

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-ZAMBRANO¹, DANIEL LÓPEZ-PUENTES²,
SINDY P. BUITRAGO¹, DIEGO GARZÓN-OSPINA³

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

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

³ Facultad de Ciencias, Universidad del Tolima, Ibagué, Tolima (Colombia).

Correspondencia: Laura J. Hernández-Zambrano. 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 μ 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.

ÁREA TEMÁTICA: Epidemiología y vigilancia.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.616.065>

ACV-2025-099

Epidemia de enfermedad de manos, pies y boca en población general, Colombia, 2025

ERIKA XIMENA OSPITIA BÁEZ^{1,2}, ELIANA MENDOZA NIÑO², LINA YESSENIA LOZANO LESMES³, HERNÁN QUIJADA BONILLA⁴

¹ Grupo de Investigación en Epidemiología Aplicada, Instituto Nacional de Salud (Colombia).

² Grupo de Gestión del Riesgo y Respuesta Inmediata, Instituto Nacional de Salud (Colombia).

³ Subdirección de Análisis del Riesgo y Respuesta Inmediata en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud (Colombia).

⁴ Director de Vigilancia y Análisis del Riesgo en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud (Colombia).

Correspondencia: Erika Ximena Ospitia Báez. bact.erikaospitia@gmail.com.
erikaospitia.ggri.ins@gmail.com

RESUMEN

Introducción: La enfermedad de manos, pies y boca (EMPB) es una infección viral causada por enterovirus, afecta principalmente a menores de 5 años y produce exantema en manos, pies y lesiones orales. En marzo de 2025, la Organización Panamericana de la Salud (OPS) emitió una alerta epidemiológica para reforzar medidas de prevención y control. El objetivo de este estudio es describir el comportamiento de la epidemia de EMPB en Colombia durante 2025 frente al histórico registrado entre 2022-2024.

Métodos: Este es un estudio descriptivo retrospectivo, con información del Sistema Nacional de Vigilancia en Salud Pública (Sivigila), desde la semana epidemiológica (SE) 1 a 24 de 2022 a 2025. Las variables cualitativas fueron descritas como frecuencias absolutas y relativas, y las cuantitativas, como media/mediana y desviación estándar. Las tasas de incidencia se ajustaron por edad y por población DANE. Se construyó un gráfico de control, usando el promedio de casos semanales de 2022-2024 para obtener el umbral de decisión.

Resultados: Hasta la SE 24 de 2025 se notificaron 3509 casos de EMPB, superando en un 2800 % los 121 casos en el mismo periodo de 2024. La epidemia se identificó en la SE 14, siendo la primera infancia el grupo más afectado (81,6 %). Geográficamente, Bogotá, Valle del Cauca, Caldas, Risaralda, Quindío y Cali concentraron la notificación; solo el 1,1 % de los casos requirió hospitalización y el 74,7 % correspondió a estratos socioeconómicos 1 y 2. Los brotes se presentaron predominantemente en escenarios escolares.

Conclusión: En 2025, los casos de EMPB superaron el límite superior del umbral de control, siendo este un comportamiento significativo en el escenario de brote nacional. La distribución de casos se concentró en la primera infancia, acorde con la historia natural de la enfermedad. Aunque la EMPB es leve, se debe fortalecer la vigilancia, prevención y control en entornos escolares para disminuir la transmisión y el impacto del ausentismo escolar.

Palabras clave: enfermedad de manos, pies y boca, infecciones por enterovirus, brotes de enfermedades.

ÁREA TEMÁTICA: Virus emergentes.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.616.066>

ACV-2025-100

Variables climáticas y resurgimiento de la encefalitis equina del este y venezolana en equinos, Colombia 2005-2024

DANIELA PATERNINA¹, RENE HERAZO², MISAEL OVIEDO³, TERESA OVIEDO¹,
RICARDO RIVERO^{3,4}, SALIM MATTAR¹

¹ Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, Universidad de Córdoba, Montería, 230002 (Colombia).

² Instituto Colombiano Agropecuario (ICA), Unidad de Epidemiología, Montería-230002, Córdoba (Colombia).

³ Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (Agrosavia), Centro de Investigación Turipaná, Km 13 vía Montería. Cereté - 23162, Córdoba (Colombia).

⁴ Washington State University, Paul G. Allen School for Global Health, Pullman, WA 99164-7090 (USA).

Correspondencia: Salim Mattar. smattar@correo.unicordoba.edu.co

RESUMEN

Introducción: La encefalitis equina del este (EEE) y encefalitis equina venezolana (EEV) son enfermedades virales emergentes de alto impacto y potencial zoonótico. Su circulación está determinada por condiciones ecológicas y climáticas que favorecen a los mosquitos vectores. Los equinos, como especies centinela, pueden anticipar la detección de casos en humanos. El objetivo de este estudio es realizar un análisis retrospectivo de los casos del virus de la EEE y del virus de la EEV en equinos y su relación con las variables climáticas entre 2005 y 2024, con énfasis en el papel de los equinos como especies centinela para las alertas epidemiológicas.

Métodos: Se llevó a cabo un estudio observacional descriptivo retrospectivo en Colombia entre 2005 y 2024. Se analizaron variables climáticas (temperatura, precipitación) y fenómenos de El Niño y La Niña. Se aplicó estadística descriptiva y se evaluaron correlaciones mediante el coeficiente de Pearson. En equinos se reportaron 184 casos de EEE y 106 de EEV.

Resultados: La incidencia se mantuvo baja en la mayoría de los años, aunque en 2016 se registró una epizootia importante de EEE ($n = 57$) en Casanare. Ese mismo año se observó un aumento significativo de EEV ($n = 15$) en Cesar, zona fronteriza con Venezuela. No se encontró asociación estadísticamente significativa entre la ocurrencia de casos y las variables climáticas o los eventos de El Niño y La Niña.

Conclusiones: La ocurrencia de epizootias en equinos confirma su utilidad como especie centinela, ya que la detección de casos puede anticipar la circulación viral y el riesgo para humanos. Este estudio resalta la necesidad de fortalecer los sistemas regionales de vigilancia y alerta, así como la cooperación transfronteriza, para prevenir y controlar posibles brotes de EEE y EEV.

Palabras clave: enfermedades infecciosas reemergentes, encefalitis equinas, salud pública, enfermedades de los caballos, El Niño-Oscilación del Sur.

ÁREA TEMÁTICA: Vacunas.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.616.067>

ACV-2025-102

Fiebre amarilla iterativa

DIANA CATALINA RAMÍREZ-REYES^{1,2}, JUAN DIEGO MELO-PEDRAZA^{1,2},
JEISON ANDRÉS MORALES-OLIVERA^{1,2}, JULIÁN FERNANDO CELIS-GUZMÁN^{1,2},
HENRY ROBAYO-AMORTEGUI³, ÁLEX JULIÁN FORERO-DELGADILLO^{1,2}

¹ Grupo de Investigación en Medicina Clínica y Traslacional, Subdivisión de Fisiología Crítica, Departamento de Cuidados Intensivos, Hospital Federico Lleras Acosta, Ibagué (Colombia).

² Escuela de Medicina, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Tolima, Ibagué (Colombia).

³ Departamento de Medicina Crítica, Unidad de Soporte Vital Extracorpóreo, Fundación Clínica Shaio, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Álex Julián Forero-Delgadillo. ajfode@gmail.com

RESUMEN

Introducción: La fiebre amarilla (FA) es una enfermedad viral icterohemorrágica producida por un virus de ARN de la familia Flaviviridae, transmitida por mosquitos *Aedes aegypti* y *Haemagogus*, endémica en Sudamérica y África. La vacunación con virus vivo atenuado 17D confiere inmunidad duradera en más del 95 % de los receptores tras una sola dosis. Sin embargo, se han descrito casos esporádicos de FA grave en individuos completamente vacunados, fenómeno denominado “fiebre amarilla iterativa” o infección posvacunal.

Métodos: Presentamos el caso de una mujer de 45 años procedente de una zona tropical de Colombia, con vacunación contra FA documentada cinco meses antes del inicio de los síntomas. Consultó por fiebre, cefalea retroorbitaria y dolor epigástrico.

Resultados: La evaluación inicial reveló elevación de transaminasas, con perfil de coagulación y recuento plaquetario conservados. Durante la hospitalización desarrolló fiebre persistente, daño hepatocelular progresivo, hiperbilirrubinemia y acidosis metabólica. Ante la falta de mejoría clínica, se inició manejo con cinco sesiones consecutivas de recambio plasmático terapéutico y pulsos de metilprednisolona a dosis altas, logrando defervescencia, mejoría bioquímica y normalización de la coagulación.

Conclusiones: Este cuadro cumple criterios de FA iterativa y no de enfermedad viscerotrópica asociada a la vacuna (YEL-AVD), dado el intervalo prolongado entre la vacunación y la aparición de los síntomas. La FA iterativa es una entidad poco caracterizada; los mecanismos propuestos incluyen disminución de la inmunidad humoral o celular, factores genéticos del huésped y variación antigénica de las cepas virales circulantes. La literatura reporta que hasta el 8 % de los casos confirmados de FA en áreas endémicas corresponden a personas previamente vacunadas, la mayoría en Brasil. Este caso destaca la importancia de considerar FA grave en pacientes vacunados, reforzando la necesidad de vigilancia epidemiológica, estudios sobre mecanismos de escape inmunitario y la evaluación de terapias de soporte como la plasmaféresis en casos graves seleccionados.

Palabras clave: fiebre amarilla iterativa, vacunación, infección posvacunal, plasmaféresis terapéutica, Colombia.

ÁREA TEMÁTICA: Patogénesis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.616.069>

ACV-2025-104

Citocinas proinflamatorias y efluvio telógeno en pacientes post-COVID-19 de la Sierra Nevada de Santa Marta (Colombia)

MANUEL K. MOLINA^{1,2}, JUAN C. DIB^{1,2}, STACEY SCHULTZ-CHERRY³, LUIS D. GERMÁN¹,
KENDALL WHITT³, MARÍA PAZ MARTÍNEZ¹, TATIANA DIAZ¹, ISABELLA VASQUEZ¹

¹ Departamento de Medicina, Universidad del Norte, Barranquilla (Colombia).

² Tropical Health Foundation, Santa Marta (Colombia).

³ St. Jude Children's Research Hospital, Memphis, Tennessee (USA).

Correspondencia: María Paz Martínez. mariapazm@uninorte.edu.co

RESUMEN

Introducción: El efluvio telógeno (ET) es una forma de alopecia difusa no cicatricial que puede presentarse entre 2 y 3 meses después de un evento estresante. La infección por SARS-CoV-2, debido a su impacto psicológico e inmunológico, ha sido asociada con un incremento de casos de ET. Este estudio tuvo como objetivo describir las características clínicas y sociodemográficas de pacientes ambulatorios con COVID-19, comparar los niveles de citocinas proinflamatorias durante la fase aguda y subaguda de la enfermedad, e identificar su posible asociación con la aparición de ET.

Métodos: Se realizó un estudio de cohorte prospectivo entre septiembre de 2020 y febrero de 2022 en comunidades rurales de la Sierra Nevada de Santa Marta (Colombia). Se incluyeron 131 pacientes con diagnóstico confirmado de SARS-CoV-2, a quienes se les realizó seguimiento clínico, toma de muestras de sangre y medición de 13 proteínas humanas mediante inmunoensayo multiplex LEGENDplex™.

Resultados: El 60,3 % fueron mujeres, con edad media de 41,7 años. El 16,8 % de los participantes presentó ET como manifestación pos-COVID, con predominio femenino. Durante la fase subaguda se observaron niveles elevados de IL-6, IL-10 y TNF- α en los pacientes con ET.

Conclusiones: Estos hallazgos apoyan la hipótesis de que la disrupción inmunológica asociada a la infección viral podría alterar el ciclo folicular capilar. Aunque los resultados no permiten establecer una relación causal directa, sí sugieren un vínculo entre la respuesta inflamatoria y la aparición de ET. Se requieren más estudios para confirmar esta asociación y entender los mecanismos inmunológicos implicados.

Palabras clave: efluvio telógeno, SARS-CoV-2, citocinas, alopecia post-COVID.

ÁREA TEMÁTICA: Patogénesis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.616.070>

ACV-2025-105

Efecto diferencial de partículas infecciosas e inactivadas de SARS-CoV-2 en la activación de la vía NF- κ B en cultivos de monocitos, línea celular U937

SARA CARMONA AGUIRRE¹, CAMILO TRUJILLO LUGO¹,
JOHANNA C. ARROYAVE-OSPINA¹, SHARON PENAGOS¹,
WBEIMAR AGUILAR-JIMÉNEZ², SILVIO URCUQUI-INCHIMA²,
MARÍA-CRISTINA NAVAS¹

¹ Grupo Gastrohepatología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

² Grupo Inmunovirología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: María-Cristina Navas. maria.navas@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: La severidad de COVID-19 está asociada con mecanismos de inmunopatogénesis y la participación de poblaciones celulares como monocitos y macrófagos. Se ha planteado que la activación de estas células puede ocurrir por la interacción con partículas virales o con la proteína viral Spike, en ausencia de infección productiva; sin embargo, los efectos de esta interacción aún no se han dilucidado completamente.

Métodos: Se planteó un estudio para determinar el efecto de partículas infecciosas e inactivadas de SARS-CoV-2, variante B.1, utilizando la línea celular U937 en la activación de la vía de señalización de NF- κ B en monocitos. En el diseño del estudio se incluyó el tratamiento con vitamina D antes, durante y después del cultivo de la línea celular en presencia de las partículas virales, infecciosas o inactivadas, durante 4 y 24 horas. Se realizó la extracción del ARN de los pellets de monocitos utilizando un kit comercial, y posteriormente se procedió a la cuantificación de la expresión de los genes blanco de la vía NF- κ B (TNF- α , IL-1B, IL-6 e iNOS) mediante qPCR.

Resultados: En los cultivos de monocitos se observó que la exposición a partículas infecciosas de SARS-CoV-2 induce una expresión significativa y selectiva de TNF- α a través de la vía NF- κ B, mientras que la respuesta frente a partículas inactivadas es menor; no se observó una inducción relevante en la expresión de los genes IL-1B, IL-6 e iNOS. De otra parte, el tratamiento con la vitamina D no modificó los perfiles de expresión de los genes blanco.

Conclusiones: Estos resultados señalan la importancia de una evaluación comparativa en la línea celular U937 luego de la diferenciación a macrófagos, con el fin de comprender los mecanismos de patogénesis y el potencial rol modulador de la vitamina D en estas dos poblaciones celulares.

Palabras clave: SARS-CoV-2, monocitos, macrófagos, inmunomodulación, NF- κ B, vitamina D.

ÁREA TEMÁTICA: Respuesta inmune.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.616.071>

ACV-2025-106

Diferentes orthoflavivirus producen sfRNA que promueve la transmisión viral al inhibir la respuesta interferón

IDALBA SERRATO-POMAR^{1,2}, HACÈNE MEDKOUR¹, LOUISE BELLEVILLE^{1,*},
KACHAPORN JINTANA^{1,*}, LAURYNE PRUVOST^{1,*}, NORMAN SCHNEIDER^{1,*},
MIHRA TAVADIA^{1,*}, JIM ZOLADEK³, FLORIAN RACHENNE¹, ZOÉ ROUX¹,
QUENTIN NARPON¹, FELIX REY-CADILHAC¹, SOLENA ROSSI¹, STEPHANIE FRENCH⁴,
CASSANDRA MODAHL⁴, WANNAPA SORNJAI⁵, ELLIOTT MIOT¹, DUNCAN SMITH⁵,
RODOLPHE HAMEL^{1,6,7}, OLEG MEDIANIKOV^{2,8}, DOROTHÉE MISSÉ¹, SÉBASTIEN NISOLE³,
JULIEN POMPON^{1,5}

¹ MIVEGEC, Université de Montpellier, IRD, CNRS, Montpellier (France).

² IHU Méditerranée Infection, Marseille (France).

³ IRIM, Université de Montpellier, CNRS, Montpellier (France).

⁴ Liverpool School of Tropical Medicine, Liverpool (United Kingdom).

⁵ Institute of Molecular Biosciences, Mahidol University, Bangkok (Thailand).

⁶ Department of Clinical Microbiology and Applied Technology, Faculty of Medical Technology, Mahidol University, Nakhon Pathom (Thailand).

⁷ Viral Vector Joint unit and Joint Laboratory, Mahidol University, Nakhon Pathom (Thailand).

⁸ IRD, AP-HM, MEPHI, Aix Marseille University, Marseille (France).

* Authors contributed equally.

Correspondencia: Idalba Serrato-Pomar. idalbamildred@gmail.com

RESUMEN

Introducción: Los ortoflavivirus transmitidos por mosquitos, como el virus del Nilo Occidental (WNV) y el virus Zika (ZIKV), causan cientos de millones de infecciones anuales y aún carecemos de intervenciones ampliamente eficaces. La transmisión se inicia con la deposición del virus en la piel durante la picadura; pero en presencia de una potente respuesta antiviral local, se limita la infección. Aunque se sabe que la saliva del mosquito modula la inmunidad del hospedador, los factores virales implicados no están completamente definidos. El objetivo de este estudio fue identificar y caracterizar componentes virales salivarios conservados que potencien la transmisión de ortoflavivirus.

Métodos: Identificamos ARN subgenómico no codificante (sfRNA) en la saliva de *Culex quinquefasciatus* infectados con WNV y *Aedes aegypti* infectados con ZIKV. El sfRNA estaba contenido en vesículas lipídicas distintas de los viriones y su secreción no requería infección del intestino medio. Análisis cuantitativos mostraron que concentraciones elevadas de sfRNA en saliva infecciosa se correlacionaban con mayor infección en células cutáneas humanas y explantes de piel, independientemente de los niveles de ARN genómico viral (gRNA).

Resultados: Ensayos funcionales demostraron que la entrega de sfRNA aumentaba la infección in vitro, en explantes de piel humana y en un modelo murino, donde además agravaba la enfermedad y reducía la supervivencia. Mecánicamente, el sfRNA suprimió la respuesta temprana de interferón tipo I, inhibiendo selectivamente la señalización mediada por MDA5, sin afectar la vía de RIG-I. Estos efectos se observaron tanto para WNV como para ZIKV, lo que indica un papel conservado en la potenciación de la transmisión.

Conclusiones: Este estudio establece al sfRNA salival como un factor conservado que favorece la transmisión de ortoflavivirus al modular la inmunidad innata del hospedador. Bloquear su secreción o función podría constituir una estrategia novedosa para el control de la transmisión de ortoflavivirus a nivel global.

Palabras clave: arbovirus, transmisión, inmunidad innata, piel.

ÁREA TEMÁTICA: Virus de animales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.700.421>

ACV-2025-108

Prevalencia del parvovirus canino tipo 2 (CPV-2) en perros domésticos infectados en diferentes ciudades de Colombia, 2023-2024

LEYDI D CANO¹, ANDRÉS ROSALES¹, JUAN C MARTÍNEZ¹, JORGE E FORERO², CAROLINA RÍOS-USUGA³, LINA M RENDÓN-RAMOS³, INGRID L JARAMILLO-DELGADO³

¹ Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

² Grupo de Microbiología Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

³ Grupo de investigación de Infectología, Zoonosis y Medio Ambiente Laboratorio TestMol (GIZMOL), TESTMOL S.A.S - Centro de Diagnóstico Especializado, Medellín, Antioquia (Colombia).

Correspondencia: Jorge E. Forero. jorge.forero@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: La parvovirus canina causada por el parvovirus canino tipo 2 (CPV-2) es una enfermedad viral altamente contagiosa que afecta a la población canina a nivel mundial; su prevalencia varía según factores como la edad, la raza, el sexo y la región geográfica. Estudios indican que el CPV-2 sigue siendo una de las principales causas de enfermedad y muerte en cachorros. En Colombia, estudios han identificado las variantes CPV-2a y CPV-2b, sin embargo, no contemplan parte de los factores asociados. El objetivo de este estudio fue determinar la prevalencia institucional de caninos domésticos infectados con CPV-2 y sus factores asociados a partir de muestras enviadas de diferentes clínicas veterinarias del país a un centro de diagnóstico especializado.

Métodos: Se realizó un estudio descriptivo observacional a partir de muestras de 510 perros sintomáticos que ingresaron al laboratorio de diagnóstico molecular TestMol proveniente de diferentes ciudades de Colombia. El diagnóstico de CPV-2 se confirmó mediante qPCR a partir de muestras fecales, sanguíneas, hisopados, LCR, orina y fluidos. El análisis estadístico se realizó mediante la prueba de chi-cuadrado de Pearson con un nivel de significancia del 5 % ($p < 0.05$) para variables nominales y la prueba de chi-cuadrado de tendencia para variables ordinales.

Resultados: La prevalencia general de infección por CPV-2 fue del 20,4 %. Esta proporción presentó diferencias estadísticamente significativas según el grupo de edad. Se observó que la edad fue la única variable que se comportó como un factor estadísticamente significativo asociado a la infección por CPV-2 ($p = 0.013$). Por otro lado, la ciudad resultó ser una variable de confusión tras aplicar la regresión logística binaria.

Conclusiones: Los resultados obtenidos presentan una visión actualizada sobre la epidemiología del CPV-2 y sus factores asociados en Colombia, mostrando un comportamiento similar al de otros países latinoamericanos. Dada su relevancia clínica por su alta mortalidad y capacidad de infección, es importante disponer de información epidemiológica actualizada sobre el parvovirus canino en el país, ya que esto permite conocer su distribución real, identificar factores de riesgo y orientar estrategias efectivas de prevención y control.

Palabras clave: prevalencia, parvovirus, parvovirus canina, CPV-2, Colombia.

ÁREA TEMÁTICA: Virus de animales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.700.422>

ACV-2025-109

Prevalencia de la infección por coronavirus canino y sus factores asociados en tres ciudades de Colombia, 2019-2024

SARA GÓMEZ-ARCILA¹, JUAN P. NÚÑEZ-MEJÍA¹, MAYKEL A. RAMÍREZ-CÓRDOBA¹,
JORGE E. FORERO-DUARTE², CAROLINA RÍOS-USUGA³, LINA M. RENDÓN-RAMOS³,
INGRID L. JARAMILLO-DELGADO³

¹ Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

² Grupo de Microbiología Ambiental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

³ Grupo de Investigación de Infectología, Zoonosis y Medio Ambiente, Laboratorio TestMol (GIZMOL), TESTMOL S.A.S - Centro de Diagnóstico Especializado, Medellín, Antioquia (Colombia).

Correspondencia: Jorge E. Forero-Duarte. jorge.forero@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: El coronavirus entérico canino (CCoV) es un agente viral de distribución mundial en perros, que se caracteriza por causar alta morbilidad y baja mortalidad. Su infección produce formas leves o asintomáticas de enteritis. La información de su circulación y prevalencia en Colombia es escasa. El objetivo de este estudio fue determinar la prevalencia de CCoV y sus factores asociados en las ciudades de Medellín, Bogotá y Barranquilla, entre 2019 y 2024.

Métodos: Se realizó un estudio observacional, descriptivo y transversal con base en 219 muestras de pacientes evaluadas en el Laboratorio TestMol mediante qPCR. Las variables cualitativas se describieron mediante frecuencias absolutas y relativas, como lugar de proveniencia, edad, sexo y raza. Se aplicaron análisis de frecuencias, pruebas de chi-cuadrado de Pearson y se calcularon razones de prevalencia. Posteriormente, se realizó una regresión logística binaria para ajustar por posibles variables de confusión.

Resultados: La prevalencia general de CCoV fue del 21,5 %. En Barranquilla no se presentaron casos positivos, pero en Bogotá y Medellín la positividad fue de 8,7 y 13,8 %, respectivamente. Los cachorros presentaron una prevalencia de infección 6,7 veces mayor que los adultos maduros y los adultos jóvenes tuvieron una prevalencia 2,6 veces mayor que los adultos maduros. La mayor prevalencia se observó en perros adultos jóvenes (32,1 %). En el análisis multivariado, la asociación con la ciudad dejó de ser significativa al ajustar por edad, identificando a esta última como una variable de confusión.

Conclusiones: Este estudio representa una primera aproximación al comportamiento del CCoV en múltiples ciudades de Colombia y resalta la necesidad de investigaciones más amplias que profundicen en sus determinantes epidemiológicos y evaluar coinfecciones con otros agentes etiológicos relacionados con brotes gastrointestinales en perros jóvenes para fortalecer la vigilancia epidemiológica y las estrategias de prevención de CCoV en Colombia.

Palabras clave: coronavirus canino, prevalencia, perros, Colombia, diagnóstico molecular.

ÁREA TEMÁTICA: Virus de animales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.700.423>

ACV-2025-110

Prevalencia y factores asociados a adenovirus canino tipo 2 en Colombia, entre 2023-2024

MARÍA DE LOS ÁNGELES VILLA-GAVIRIA¹, JUAN CAMILO DÍAZ-ARBOLEDA¹,
JORGE EDUARDO FORERO-DUARTE²

¹ Estudiantes de Microbiología y Bioanálisis, Universidad de Antioquia (Colombia).

² Docente ocasional, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia (Colombia).

Correspondencia: Jorge Eduardo Forero-Duarte. jorge.forero@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: El adenovirus canino tipo 2 (CAV-2) es un patógeno respiratorio implicado en la traqueobronquitis infecciosa canina, enfermedad altamente transmisible, especialmente en albergues y refugios; aunque suele causar cuadros leves, la coinfección con otros agentes puede agravar la presentación clínica. En Colombia, la información sobre la circulación del virus, su prevalencia y los factores asociados con la infección es limitada, lo que dificulta el diseño de estrategias efectivas de prevención y control.

Métodos: Se desarrolló un estudio observacional, descriptivo y transversal para 2023 y 2024, basado en vigilancia pasiva; se analizaron registros secundarios de perros evaluados mediante PCR en laboratorios de diagnóstico molecular con sede en Barranquilla, Bogotá y Medellín; se incluyeron variables como edad, sexo, raza categorizada y ciudad de procedencia.

Resultados: La prevalencia de infección por CAV-2 fue del 13,4 %. Medellín presentó la proporción más alta de casos positivos (14,3 %), seguida por Bogotá (13,3 %) y Barranquilla (7,7 %). No se identificaron asociaciones estadísticamente significativas entre la detección del virus y las variables analizadas: ciudad, sexo, edad categorizada y raza. Aunque la literatura reporta mayor susceptibilidad en cachorros por inmadurez inmunológica, esta relación no se evidenció en esta investigación; la falta de asociaciones podría deberse al tamaño muestral reducido y al diseño basado en vigilancia pasiva, lo cual limita la capacidad de análisis inferencial.

Conclusiones: Los hallazgos evidencian circulación activa del virus en las tres ciudades evaluadas, con una prevalencia comparable a la reportada en otros países. Es importante fortalecer la vigilancia epidemiológica mediante estudios con muestreo probabilístico y mayor poder estadístico. Las principales limitaciones fueron el uso de muestreo por conveniencia, la baja representación de algunas ciudades y la falta de datos clínicos, lo que restringe el análisis de factores asociados.

Palabras clave: adenovirus canino tipo 2, prevalencia, factores asociados, perros, Colombia, diagnóstico molecular.

ÁREA TEMÁTICA: Patogénesis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.700.424>

ACV-2025-111

Efecto inmunomodulador de la vitamina D en la tormenta de citocinas inducida por SARS-CoV-2 en monocitos y macrófagos humanos

JUAN FELIPE VALDÉS-LÓPEZ¹, DIANA DI FILIPPO¹, SHARON PENAGOS¹,
LADY JOHANNA HERNÁNDEZ², JOHANNA C. ARROYAVE-OSPINA¹, MAURICIO ROJAS³,
SILVIO URCUQUI-INCHIMA², WBEIMAR AGUILAR-JIMÉNEZ², MARÍA-CRISTINA NAVAS¹

¹ Grupo Gastrohepatología y Grupo Inmunovirología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

² Grupo Inmunovirología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

³ Grupo de Inmunología Celular e Inmunogenética (GICIG), Facultad de Medicina, UdeA y Unidad de Citometría, Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: María-Cristina Navas. maria.navas@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: La infección por SARS-CoV-2 puede evolucionar hacia formas graves caracterizadas por una respuesta inmune desregulada y una “tormenta de citocinas”, en la que la interleucina-6 (IL-6) ejerce un papel central al amplificar la inflamación y el daño tisular. La vitamina D (VD) posee propiedades inmunomoduladoras en diversas infecciones virales; sin embargo, su papel específico en la modulación de la respuesta inflamatoria en la infección por SARS-CoV-2 aún no está completamente esclarecido.

Métodos: En este estudio se evaluó el efecto de la VD sobre la producción de citocinas inflamatorias en monocitos y macrófagos humanos estimulados con partículas de SARS-CoV-2 (linaje B.1) inactivadas con luz UV. Monocitos y macrófagos, derivados de la línea U937, fueron tratados con VD antes, durante o después de la exposición a las partículas virales. La producción de citocinas proinflamatorias se cuantificó mediante citometría de flujo (kit CBA). Los datos obtenidos de dos experimentos independientes, con tres réplicas técnicas cada uno, se analizaron mediante la prueba de Kruskal-Wallis con un *post hoc* de Dunn para determinar significancia estadística.

Resultados: El tratamiento con VD redujo significativamente los niveles de IL-6 cuando se administró durante o después de la exposición a las partículas virales ($p < 0.05$), lo que sugiere un efecto modulador sobre la respuesta inmune innata.

Conclusiones: La VD atenúa la producción de IL-6 en monocitos y macrófagos humanos expuestos a partículas inactivadas de SARS-CoV-2, lo que respalda su potencial como coadyuvante terapéutico para mitigar la “tormenta de citocinas” en COVID-19 grave. Estos hallazgos justifican la realización de estudios clínicos para evaluar la VD en el control de la hiperinflamación inducida por el virus.

Palabras clave: COVID-19, SARS-CoV-2, citocinas, inflamación, vitamina D, monocitos, macrófagos.

ÁREA TEMÁTICA: Epidemiología molecular y genómica.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.700.425>

ACV-2025-112

Vigilancia genómica mediante secuenciación de siguiente generación y análisis bioinformático del virus SARS-CoV-2 en Ecuador desde 2023 en el Instituto Nacional en Salud Pública “Leopoldo Izquieta Pérez”

GÉNESIS GARCÍA-DÍAZ¹, DIANA GUTIÉRREZ-PALLO¹, GABRIELA ECHEVERRÍA-GARCÉS¹,
BYRON FUERTES-FLÓREZ¹, CAMILA LARA-CAZORLA¹, ANDRÉS CARRAZCO-MONTALVO¹

¹ Centro de Referencia Nacional de Genómica, Secuenciación y Bioinformática,
Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública “Leopoldo Izquieta Pérez”,
Quito (Ecuador).

Correspondencia: Génesis García Díaz. genegardadi@gmail.com

RESUMEN

Introducción: La secuenciación de genomas de SARS-CoV-2 ha permitido clasificar el virus en diferentes grupos genéticos o clados, basándose en mutaciones específicas en algunos de sus genes. Las mutaciones representan un fenómeno inherente y predecible en el contexto de la evolución viral. La vigilancia y monitoreo constantes, especialmente a nivel genético, son esenciales para rastrear la aparición de nuevas variantes (1). La evolución de SARS-CoV-2 ha dado lugar a la aparición de diferentes linajes, algunos de ellos han sido clasificados por la OMS como Variantes de Preocupación (VOC por sus siglas en inglés), Variantes de Interés (VOI por sus siglas en inglés) y Variantes Bajo Monitoreo (VUM por sus siglas en inglés) en salud pública (2). El objetivo de este trabajo fue monitorear los cambios genéticos del virus del SARS-CoV-2, mediante la vigilancia genómica periódica, para comprender su comportamiento y evolución a lo largo del tiempo.

Métodos: Se secuenciaron muestras de ARN viral, con el ensayo CovidSeq de Illumina en la plataforma Illumina MiSeq. Para el análisis bioinformático de las lecturas FASTQ, se utilizó una adaptación del protocolo ViralFlow, empleando el genoma de referencia del virus SARS-CoV-2 con el número de acceso NC_045512.2.

Resultados: En un análisis nacional a través de los datos genómicos depositados en GISAID (Global Initiative to Share All Influenza Data) se identificó que Ecuador ha reportado 12 706 genomas en total, de los cuales 7605 correspondientes a la variante Ómicron. A inicios de 2023, se destaca la presencia de las subvariantes XBB.1.5.92 y XBB.1.5.92.1 (HQ.1), que en la asignación de linajes dada por pangolín las designan como Variantes ecuatorianas (8). En 2024 se observa la circulación de la subvariante de interés JN.1*, la cual predominó desde su primer registro en el país en la semana epidemiológica (SE) 49-2023 hasta la SE 10 de 2025, a partir de la cual se han identificado las nuevas subvariantes KP.2, XEC, LP.8*, LF.7*, XFC, XFG y XFT.

Conclusiones: Hasta la fecha, en Ecuador se han detectado las Variantes de Interés XBB.1.5*, XBB.1.16*, EG.5# y BA.2.86/JN.1, así como las Variantes Bajo MB*, XBB.1.9.1, XBB.2.3, JN.1.7, KP.2, KP.3, KP.3.1.1, LB.1*, XFG*.

Palabras clave: vigilancia genómica, secuenciación de siguiente generación, SARS-CoV-2, epidemiología, diversidad genética.

ÁREAS TEMÁTICAS: Virología estructural.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.700.426>

ACV-2025-113

Análisis *in silico* de unión a HLA de péptidos derivados de retrovirus endógenos humanos (HERV) modulados por el estado serológico en artritis reumatoide

TULIO J. LOPERA¹, SANTIAGO RENDÓN-MARÍN², JULIETA M. MEJÍA³,
GEYSSON FERNÁNDEZ⁴, DANIEL RODRÍGUEZ⁵, JUAN C. DÍAZ⁵, MAURICIO ROJAS^{1,6},
DIANA CASTAÑO^{1,7}

¹ Grupo de Inmunología Celular e Inmunogenética, Instituto de Investigaciones Médicas, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

² Grupo de Investigaciones Biomédicas Uniremington, Facultad de Ciencias de la Salud, Programa de Medicina, Corporación Universitaria Remington, Medellín (Colombia).

³ Instituto Nacional de Cancerología, Bogotá (Colombia).

⁴ Grupo Biología y Control de Enfermedades Infecciosas - BCEI, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

⁵ IPS Artmédica, Medellín (Colombia).

⁶ Unidad de Citometría de Flujo, Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

⁷ Institute for Immunology and Immune Health, Perelman School of Medicine, University of Pennsylvania, Philadelphia, PA (USA).

Correspondencia: Diana Castaño. diana.castano@pennmedicine.upenn.edu

Financiación: Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación de Colombia (Minciencias, código 111589785974, contrato 651-2021). Centro Internacional de Ingeniería Genética y Biotecnología (ICGEB, contrato CRP/22/017, referencia CRP/COL21-01). CODI, Universidad de Antioquia (Acta N°. 2022-53070).

RESUMEN

Introducción: La artritis reumatoide (AR) es una enfermedad autoinmune crónica y multifactorial, en la que convergen factores genéticos, ambientales e inmunológicos. Los retrovirus endógenos humanos (HERV) han despertado interés por su posible contribución a la fisiopatología de AR. Diversos estudios sugieren que HERV pueden encontrarse desregulados en pacientes con AR, aunque su papel en la modulación de la respuesta inmune aún no es claro. El objetivo de este estudio fue explorar *in silico* las interacciones inmunogénicas potencialmente inducidas por HERV diferencialmente expresadas según estado serológico en células mononucleares de sangre periférica (CMSP) y plaquetas en una cohorte de 26 pacientes con AR, comparados con 6 donantes sanos.

Métodos: Se aislaron CMSP y plaquetas, las cuales fueron sometidas a análisis de RNA-seq y análisis bioinformático para detectar HERV. Se predijeron epítomos mediante el IEDB de La Jolla con afinidad por HLA-I y HLA-II de HERV detectados. Se modelaron las estructuras 3D de alelos de HLA-II de interés en AR con AlphaFold y se validaron computacionalmente. Se realizaron acoplamientos moleculares de péptidos derivados de HERV y HLA mediante diferentes herramientas computacionales. Finalmente, se hicieron análisis de interacción molecular y validación estructural.

Resultados: Se seleccionaron cinco candidatos HERV: dos de CMSP: 3692 ($p = 0,0004$) y 1742 ($p = 0,004$); y de plaquetas: 5918 ($p=0,0043$) y K-7 ($p=0,0280$) en pacientes seronegativos y 2613 ($p = 0,001$) en pacientes con AR. Se predijeron diversos péptidos inmunogénicos tanto para HLA-I como HLA-II con puntaje cercano a 1. Los péptidos de HERV con mayor potencial inmunogénicos exhibieron valores de unión altamente favorables con HLA-II de interés comparadas con péptidos control.

Conclusiones: La identificación de HERV y su potencial interacción con HLAs podrían sugerir la participación en la patogénesis de AR. Estos hallazgos resaltaron la necesidad de estudios *in vitro* e *in vivo* para confirmar su relevancia y evaluar su utilidad como biomarcadores o mediadores inmunológicos.

Palabras clave: artritis reumatoide, retrovirus endógenos humanos, plaquetas, células mononucleares, unión a HLA.

ÁREA TEMÁTICA: Virología estructural.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.700.427>

ACV-2025-114

Cribado virtual, *docking* y dinámica molecular de moléculas de origen natural contra los serotipos del virus del dengue

BELCY LILIANA MENDOZA-QUINTANA¹, JESÚS TADEO OLIVERO-VERBEL¹,
JAIRO MERCADO-CAMARGO²

¹ Grupo de Química Ambiental y Computacional, Facultad de Ciencias Farmacéuticas, Campus de Zaragocilla, Universidad de Cartagena, Cartagena, 130014 (Colombia).

² Grupo de Investigación en Química Orgánica Medicinal, Facultad de Ciencias Farmacéuticas, Campus de Zaragocilla, Universidad de Cartagena, Cartagena, 130001 (Colombia).

Correspondencia: Jairo Mercado-Camargo. jmercadoc@unicartagena.edu.co

RESUMEN

Introducción: El virus del dengue (DENV), perteneciente al género *Flavivirus*, es transmitido principalmente por el mosquito *Aedes aegypti* y representa un problema de salud pública en Colombia y el mundo. La enfermedad puede ser asintomática o causar fiebre acompañada de otros síntomas que afectan la calidad de vida de los pacientes. Existen cuatro serotipos del virus (DENV-1, DENV-2, DENV-3 y DENV-4), todos capaces de infectar a humanos. Actualmente no hay un tratamiento antiviral específico, lo que hace necesario el desarrollo de estrategias para la identificación de nuevos compuestos con potencial terapéutico. Este estudio tuvo como objetivo realizar un cribado virtual y acoplamiento molecular de ligandos naturales contra los serotipos del virus del dengue, caracterizar las interacciones proteína-ligando y evaluar la estabilidad de los complejos mediante simulaciones.

Métodos: Se seleccionaron seis proteínas no estructurales del virus (NS1, NS2/NS3 inhibidor activo, NS2/NS3 inhibidor inactivo, NS2/NS3 proteasa, NS3 y NS5) y una proteína estructural (proteína E), obtenidas del Protein Data Bank (PDB: 4O6B, 3U1I, 2FOM, 3L6P, 2VBC, 4V0R y 1KOE, respectivamente). Un total de 1100 estructuras de moléculas de origen natural, reportadas con propiedades antivirales o posible acción antimicrobiana, obtenidas de bases de datos y referencias bibliográficas, fueron acopladas a las estructuras tridimensionales de proteínas utilizando AutoDock Vina, empleando Discovery Studio 2021 para la caracterización de interacciones. La validación de la simulación fue realizada mediante una curva ROC.

Resultados: Los mejores resultados fueron observados para los complejos 2BVC:(5-(2-fenil-4-oxocromen-2-il)-5-(2-fenil)-cromen-4-ona) presentó una afinidad de -12.0 kcal/mol, seguido por 2FOM-(2-[4-[5-(5,7-dihidroxi-4-oxo-2H-cromen-2-il)-2-hidroxifenoxi]fenil]-5,7-dihidroxi-4H-cromen-4-ona) con -11.6 kcal/mol, 2BVC-(3,4-dimetil-9-(4-fenoxifenil)-9,10-dihidro-2H,8H-cromeno[8,7-e][1,3]oxazin-2-ona) con -11.6 kcal/mol, y 2BVC-(8-[(2S,3R)-5,7-dihidroxi-2-(4-hidroxifenil)-4-oxo-2,3-dihidro-2H-cromen-3-il]-2-(3,4-dihidroxifenil)-5,7-dihidroxi-4H-cromen-4-ona) con -11.4 kcal/mol. Los resultados de validación mediante la curva ROC para las proteínas 2BVC y 2FOM fueron $93.6 \pm 2.6 \%$ y $92.1 \pm 1.7 \%$, respectivamente. Sugiriendo una alta selectividad de los ligandos evaluados por estas proteínas.

Conclusiones: Estos compuestos naturales mostraron potencial para interactuar con los blancos terapéuticos seleccionados, resaltando la importancia de los métodos computacionales en la identificación de nuevos candidatos antivirales contra el dengue, en especial el compuesto 5-(2-fenil-4-oxocromen-2-il)-5-(2-fenil) cromen-4-ona, el cual posee un alto potencial para su evaluación experimental.

Palabras clave: enfermedad tropical, búsqueda *in silico*, bioinformática, moléculas terapéuticas, virus del dengue.

ÁREA TEMÁTICA: Ómicas.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.700.428>

ACV-2025-115

Análisis transcriptómico de fagocitos mononucleares infectados por el virus Ébola: efecto en la tormenta de citoquinas y la respuesta antiviral

CARLOS MARIO ARISTIZÁBAL NOREÑA¹, SILVIO URCUQUI-INCHIMA¹,
JUAN FELIPE VALDÉS-LÓPEZ¹

¹ Grupo de Inmunovirología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín
(Colombia).

Correspondencia: Juan Felipe Valdés-López. felipe.valdes@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: El virus del Ébola (EBOV) es un *Flavivirus* causante de la fiebre hemorrágica del ébola en humanos, enfermedad altamente contagiosa con una tasa de letalidad entre 50-90 %. Aunque las células fagocíticas juegan un papel importante en la respuesta inmune a la infección, su papel en la inducción de la respuesta antiviral y la tormenta de citocinas aún son poco comprendidas. Por lo tanto, nuestro objetivo fue evaluar los perfiles de transcripción asociados con la respuesta inflamatoria y antiviral en macrófagos y células dendríticas humanas infectados con el EBOV *in vitro*.

Métodos: Los datos transcriptómicos (bul RNA-seq) de macrófagos y células dendríticas humanas infectadas con Ébola (n= 3, t= 6, 24, y 48 hpi) fueron obtenidos del repositorio Gene Expression Omnibus (GEO). La normalización, filtrado y análisis estadístico de expresión diferencial se realizaron usando el *software* R.

Resultados: Se observó que en ambos conjuntos de células fagocíticas infectadas con EBOV hay un fuerte silenciamiento de la respuesta inmune antiviral en tiempos tempranos posinfección. Sin embargo, entre las 24 y 48 hpi se observó la hiperactivación de múltiples PRRs implicados en el reconocimiento de la infección, incluyendo TLR3, RIG-I, MDA5, y ZBP1, conllevando a la inducción de fuertes respuestas inflamatorias dependientes de NF- κ B, y a la inducción de una robusta respuesta antiviral dependiente de múltiples interferones y STAT1, la cual fue insuficiente para el control de la infección. Además, identificamos la activación de muerte celular a través piroptosis y necroptosis en ambas poblaciones celulares.

Conclusiones: Las células dendríticas y los macrófagos humanos participan activamente en el reconocimiento de la infección por EBOV y la inducción de la tormenta de citocinas, a través de la hiperactivación de múltiples PRRs y la producción de diversos factores inflamatorios e interferones en etapas tardías de la infección, sugiriendo que ambas poblaciones celulares podrían ser un blanco clave para el desarrollo de terapias inmunomoduladores enfocadas en controlar la respuesta inflamatoria patológica en pacientes infectados con EBOV.

Palabras clave: virus Ébola, fagocitos mononucleares, respuesta inmune innata, señalización antiviral, tormenta de citoquinas, inmunopatogénesis.

ÁREA TEMÁTICA: Virología clínica, simposio de actualización en VIH.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.700.429>

ACV-2025-116

Leucoencefalopatía multifocal progresiva, una presentación radiológica atípica: a propósito de un caso

LUIS ADOLFO COLLAZOS-TORRES¹, JHOAN ESTEBAN GÓMEZ²,
MARÍA VIRGINIA NOPE³, MIGUEL ÁNGEL BETANCOURT⁴,
LUIS FELIPE CALVO-TORRES⁵, ANDRÉS FELIPE PARRA-VARELA⁶,
ALEXANDER SALINAS-CESAR⁷

¹ Medicina Interna, Clínica Nuestra Señora de los Remedios, Cali (Colombia).

² Medicina, Universidad Libre, Cali (Colombia).

³ Clínica Nuestra Señora de los Remedios, Cali (Colombia).

⁴ Medicina de Urgencias, Pontificia Universidad Javeriana, Cali (Colombia).

⁵ Neurología, Clínica Nuestra Señora de los Remedios, Cali (Colombia).

⁶ Neurorradiología, Clínica Neurocardiovascular DIME, Cali (Colombia).

⁷ Medicina Interna-Infectología, Hospital Departamental Universitario del Quindío
San Juan de Dios, Armenia (Colombia).

Correspondencia: Luis Adolfo Collazos-Torres. luisadolfocollazostorres@gmail.com

RESUMEN

Introducción: La leucoencefalopatía multifocal progresiva (PML) es una patología característica de huéspedes inmunocomprometidos, ocasionada por el virus de John Cunningham (VJC), que infecta predominantemente las células de la sustancia blanca, con una mortalidad hasta del 90 %. El VJC pertenece a los denominados “Poliomavirus humanos”, un grupo de virus pequeños, que carecen de envoltura y tienen un ADN bicatenario circular cubierto por una cápside icosaédrica. Dicho genoma tiene 5130 pb, que codifica para el antígeno T grande y el antígeno T pequeño y las proteínas estructurales VP1, VP2 y VP3. Las lesiones clásicas de la PML en la RMN son hiperintensidades subcorticales en el T2 y en el FLAIR, supratentoriales, asimétricas, sin realce, e hipointensas en T1. Sin efecto de masa, a menos que se trate de la variante inflamatoria, que se acompaña de edema vasogénico. Excepcionalmente infecta las neuronas de la sustancia gris cortical y las células granulares del cerebelo. En el 11-58 % de los pacientes con VIH se ha descrito compromiso infratentorial, del tronco cerebral y el pedúnculo cerebeloso medio.

Métodos: Presentamos el caso de un paciente masculino de 20 años de edad, con 2 meses de malestar general, astenia e hiporexia, asociados a fiebre intermitente y diarrea ocasional. En las últimas 2 semanas previas al ingreso presenta empeoramiento de los síntomas, hemiparesia derecha, afasia y relajación de esfínteres. Al ingreso se documentó dismetría izquierda severa y ataxia troncular. Como antecedentes tiene infección por VIH de reciente diagnóstico, aún sin TARV, con carga viral en 779668 copias y linfocitos T CD4+ en 16 células. Los siguientes procedimientos se realizaron: resonancia magnética nuclear (RMN), pruebas para toxoplasmosis, filmarray para líquido cefalorraquídeo (LCR) y reacción en cadena de la polimerasa (PCR).

Resultados: La RMN contrastada mostró marcada hiperintensidad en T2 y FLAIR protuberancial con extensión al pedúnculo cerebeloso medio y hemisferio cerebeloso del lado izquierdo, sin clara captación del contraste. Las pruebas para toxoplasmosis fueron negativas. La punción lumbar arrojó un Filmarray para LCR negativo, PCR para *Mycobacterium tuberculosis*, sífilis, tinta china y cultivos en LCR también negativos. La citometría de flujo y citología en LCR no mostraron células anormales. Durante su hospitalización presenta deterioro clínico, estupor, anartria, cuadriparesia espástica y nistagmos vertical. Se realizó Polioma virus JC: Carga viral ADN por PCR en LCR: 1 395 000 copias/mL (Log10 6,14).

Conclusiones: El hallazgo de Polioma virus JC sumado al compromiso neurológico confirmó la presencia de leucoencefalopatía multifocal progresiva con presentación inusual en tronco encefálico y cerebelo.

Palabras clave: leucoencefalopatía multifocal progresiva, VIH, virus de John Cunningham, cerebelo.

ÁREA TEMÁTICA: Patogénesis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.813.444>

ACV-2025-118

Neuroprotección mediada por vesículas extracelulares: una estrategia celular frente al daño inducido por el ZIKV en neuronas corticales

MARÍA ANGÉLICA CALDERÓN-PELÁEZ¹, MYRIAM L. VELANDIA-ROMERO¹,
JAIME E. CASTELLANOS¹

¹ Grupo de Virología, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: María Angélica Calderón-Peláez. mcalderon@unbosque.edu.co

RESUMEN

Introducción: El virus del Zika (ZIKV) está asociado con alteraciones neurológicas severas. Aunque se ha descrito su neurotropismo, los mecanismos que median el daño neuronal aún no se comprenden completamente. Recientemente, las vesículas extracelulares (EVs) han emergido como vehículos moleculares de comunicación intercelular con capacidad para modular procesos fisiopatológicos. En este contexto, explorar el papel de las EVs derivadas de células residentes del tejido nervioso como las células endoteliales microvasculares cerebrales (MBEC) infectadas con ZIKV puede aportar información clave sobre su potencial efecto neuroprotector o patogénico. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto de EVs provenientes de MBEC infectadas con ZIKV sobre la morfofisiología, el estado redox y la dinámica mitocondrial de neuronas corticales *in vitro*.

Metodología: Cultivos primarios de neuronas corticales de ratones neonatos fueron pretratados con EVs de MBEC infectadas con ZIKV (MOI 0.1), previo a la infección neuronal. Se evaluaron los cambios en la morfología neuronal (análisis Sholl), el estrés oxidativo (detección de especies reactivas de oxígeno -ROS-), la producción de transcritos antioxidantes de SOD y CAT (RT-qPCR), y la función mitocondrial por: i) medición del potencial de membrana mitocondrial por TMRE, ii) su morfología por microscopia confocal, y análisis de SNT y iii) la dinámica mitocondrial por inmunoblot.

Resultados: La infección por ZIKV indujo pérdida de complejidad neurítica, aumento de ROS, hiperpolarización mitocondrial y fragmentación de la red mitocondrial. En contraste, el pretratamiento con EVs, en especial EVs provenientes de células infectadas (EVs-GlyR), preservó la arborización neuronal, redujo el estrés oxidativo, y promovió la restauración de la morfología mitocondrial filamentososa. A nivel molecular, se observó un aumento significativo en la expresión de genes antioxidantes.

Conclusiones: Estos hallazgos sugieren que las EVs-GlyR actúan como moduladores neuroprotectores, ofreciendo un enfoque prometedor para mitigar el daño neuronal inducido por ZIKV.

Palabras clave: ZIKV, EVs, neuroprotección, estrés oxidativo, mitocondrias.

ÁREA TEMÁTICA: Epidemiología molecular y genómica.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.813.445>

ACV-2025-119

Epidemiología genómica del dengue 2 y 3: introducciones y exportaciones de linajes en Colombia

JORGE MIRANDA¹, RICARDO RIVERO^{1,2,12}, VANEZA TIQUE-SALLEG^{1,3,9}, DANIEL ECHEVERRI-DE LA HOZ^{1,4,9}, LAMBODHAR DAMODARAN⁴, DANIELA PATERNINA¹, MAURICIO SANTOS-VEGA⁶, DANIELA TORRES⁷, DIANA DAVALOS⁷, EDUARDO LOPEZ-MEDINA⁷, MALLERY I. BREBAN⁸, GERMAN ARRIETA^{1,9}, VERITY HILL⁸, NATHAN D. GRUBAUGH⁸, SALIM MATTAR¹

¹ Universidad de Córdoba, Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, Montería (Colombia).

² Paul G. Allen School for Global Health, Washington State University, Pullman, 99164 Washington (United States of America).

³ Hospital San Jerónimo, Montería (Colombia).

⁴ Universidad de Santander, Facultad de Ciencias Médicas y de la Salud, Programa de Bacteriología y Laboratorio Clínico, Valledupar (Colombia).

⁵ Department of Pathobiology, School of Veterinary Medicine, University of Pennsylvania, Philadelphia, 19104, Pennsylvania (United States of America).

⁶ Grupo de Biología Matemática y Computacional (BIOMAC), Universidad de los Andes, Bogotá, 10587 (Colombia).

⁷ Centro de Estudios en Infectología Pediátrica CEIP, Cali (Colombia).

⁸ Department of Epidemiology of Microbial Diseases, Yale School of Public Health, New Haven, 610101, Connecticut (United States of America).

⁹ Clínica Salud Social, Sincelejo, Sucre (Colombia).

Correspondencia: Salim Mattar. smattar@correo.unicordoba.edu.co

RESUMEN

Introducción: La dinámica espaciotemporal de los linajes del virus del dengue (DENV) en Colombia es un reto; la identificación de patrones de introducción, exportación y reemplazo de linajes, y su relación con la dinámica antigénica, es importante en las enfermedades transmisibles. El objetivo de este trabajo fue analizar la epidemiología genómica de DENV-2 y DENV-3 en Colombia y las Américas.

Métodos: Se realizó RT-qPCR y secuenciación mediante el protocolo DengueSeq en la plataforma MinION (Oxford Nanopore Technologies). Los sueros fueron recolectados entre 2023-2024 en Córdoba y Sucre. El análisis bioinformático y filogenético se realizó con iVar, Nextclade, IQ-tree, BEAST y Treetime. Se aplicó un modelo estadístico GLM Poisson para evaluar patrones de migración viral (Markov jumps) y el *software* MVSE para estimar la idoneidad vectorial a partir de datos meteorológicos. Se realizó la secuenciación de genomas de dengue y se integraron datos clínicos, climáticos y epidemiológicos para identificar linajes, rutas de transmisión y condiciones que favorecen la propagación del virus. La visualización genética se realizó mediante t-SNE, representando distancias entre secuencias en dos dimensiones.

Resultados: Se analizaron 11 443 secuencias completas del genoma de Colombia y las Américas para estudiar la epidemiología genómica de DENV-2 y DENV-3. La reconstrucción filogeográfica reveló múltiples introducciones y exportaciones independientes de los linajes cosmopolita y asiático-americano de DENV-2, así como del linaje DENV-3 III C.2.

Conclusiones: Resalta el papel fundamental de Colombia como fuente y parada del tráfico viral dentro de las Américas. El perfil antigénico demostró una agrupación distinta de linajes emergentes en el espacio antigénico, consistente con el recambio impulsado por el escape inmunológico. Los resultados evidencian la necesidad de una vigilancia genómica sistemática y de alta resolución para guiar las intervenciones de salud pública específicas y mitigar la transmisión del dengue en toda la región.

Palabras clave: salud pública, epidemiología genómica, filogeografía, escape antigénico, arbovirus, enfermedades transmitidas por vectores.

ÁREAS TEMÁTICAS: Virología clínica, Simposio satélite virus de inmunodeficiencia humana.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.813.446>

ACV-2025-120

Sarcoma de Kaposi gastrointestinal y cutáneo en paciente joven con infección por VIH avanzada: reporte de caso

SANDRA HERRERA¹, EDWIN CAÑATE²

¹ Docente del Departamento de Patología, Universidad de Cartagena. E.S.E. Hospital Universitario del Caribe (Colombia).

² Residente de Patología, Universidad de Cartagena (Colombia).

Correspondencia: Edwin Cañate. ecanater@unicartagena.edu.co

RESUMEN

Introducción: El sarcoma de Kaposi (SK) es una neoplasia vascular asociada a la infección por herpesvirus humano tipo 8 (HHV-8), considerada enfermedad definitoria de sida. Aunque su incidencia ha disminuido con la terapia antirretroviral (TARV), continúa siendo una neoplasia relevante en pacientes con inmunosupresión avanzada.

Métodos: Se presenta el caso de un paciente masculino de 27 años con antecedente de VIH no tratado, quien consultó por disfagia progresiva y pérdida de peso de seis meses. Se realizaron estudios clínicos, endoscópicos, histopatológicos e inmunohistoquímicos.

Resultados: El paciente ingresó en estado de desnutrición proteico-calórica severa, con diagnóstico de VIH estadio C3 (CD4: 35 células/ μ L). La endoscopia digestiva alta evidenció esofagitis ulcerada y lesiones gástricas sospechosas; las biopsias mostraron infiltrado inflamatorio crónico en esófago y una lesión fusocelular vascular en estómago, confirmada como sarcoma de Kaposi mediante inmunohistoquímica (CD31, CD34, HHV-8 positivos, Ki67: 70 %). Una segunda biopsia cutánea de lesiones violáceas abdominales corroboró sarcoma de Kaposi dérmico. Además, se documentaron candidiasis oral y sífilis indeterminada (VDRL reactivo). El paciente recibió ganciclovir intravenoso por sospecha de coinfección por CMV, tratamiento con penicilina benzatínica y posteriormente inició TARV con profilaxis para gérmenes oportunistas. Evolucionó con mejoría clínica parcial de la disfagia, encontrándose estable al egreso y en seguimiento multidisciplinario.

Conclusión: Este caso ilustra la coexistencia de SK gastrointestinal y cutáneo en un paciente joven con inmunosupresión avanzada por VIH, resaltando la importancia del diagnóstico histopatológico y la inmunohistoquímica para diferenciar procesos infecciosos de neoplásicos. La detección precoz y el inicio oportuno de TARV son fundamentales para mejorar la sobrevida y calidad de vida de estos pacientes.

Palabras clave: sarcoma de Kaposi, VIH/SIDA, HHV-8, inmunosupresión, neoplasia vascular, gastroenterología.

ÁREA TEMÁTICA: Virus de plantas.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.813.447>

ACV-2025-121

Modelo epidemiológico de dispersión viral en cultivos de *Physalis peruviana* L. y otras solanáceas en Antioquia (Colombia)

MÓNICA HIGUITA¹, CHRISTIAN JIMENEZ¹, JULIANA SÁNCHEZ-YALÍ¹,
ALEJANDRA PÉREZ¹, MARÍA CLARA ZULUAGA², PABLO GUTIÉRREZ¹

¹ Laboratorio de Microbiología Industrial, Facultad de Ciencias, Departamento de Biociencias, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín (Colombia).

² Laboratorio de Sistemas Complejos Naturales, Facultad de Ciencias, Departamento de Geociencias, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín (Colombia).

Correspondencia: Mónica Higueta. mmhiguit@unal.edu.co

RESUMEN

Introducción: *Physalis peruviana* L. es una fruta tropical de importancia económica para Colombia, que se destaca como el principal exportador mundial. En Antioquia, este cultivo se ha expandido significativamente, en muchos casos con material de siembra de estatus fitosanitario incierto, lo que ha favorecido la diseminación de virus emergentes y conocidos. El viroma de *P. peruviana* incluye patógenos como PhyVNV y PhyVX, y virus comunes en otras solanáceas como PVX, PVY, PVV y PMTV. A esto se suma un reporte reciente de TaLMV, un potyvirus que saltó de su hospedante natural, el *Solanum betaceum*. Estos hallazgos resaltan el papel de *P. peruviana* como posible reservorio de virus que amenazan otras solanáceas. El control de enfermedades virales en plantas consiste en estrategias mixtas que incluyen inspección sanitaria, uso de material certificado, variedades resistentes y prácticas agrícolas que reduzcan la transmisión. Sin embargo, factores como el comercio global, la expansión de monocultivos, el cambio climático y la proliferación de vectores han favorecido la emergencia de patógenos virales. En este contexto, se requieren herramientas que permitan estudiar la dinámica de aparición y dispersión de virus, integrando la caracterización del viroma con modelos epidemiológicos que apoyen la toma de decisiones en el manejo fitosanitario.

Métodos: En este trabajo se desarrolló un modelo epidemiológico de caminata aleatoria para evaluar el riesgo de dispersión viral en Antioquia. El modelo incorporó variables como altitud y temperatura óptima del cultivo, para delimitar las áreas con mayor idoneidad productiva y susceptibilidad a brotes.

Resultados: Los resultados permiten identificar zonas críticas para la vigilancia, estimar rutas probables de transmisión y proyectar escenarios de propagación. El modelo se complementó con análisis virómicos de datos metatranscriptómicos públicos y con información del censo agrícola.

Conclusiones: Lo anterior permitió estimar el riesgo epidemiológico entre *P. peruviana* y otras solanáceas, constituyendo una herramienta para optimizar el control fitosanitario en estos cultivos.

Palabras clave: *Physalis*, solanáceas, riesgo epidemiológico, virus emergentes.

ÁREA TEMÁTICA: Virología estructural.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.813.448>

ACV-2025-122

Estandarización y validación de un modelo bioinformático para el análisis de interacciones entre VPg-eIF4E en potyvirus

ALEJANDRA PÉREZ¹, JULIANA SÁNCHEZ-YALÍ¹,
SARITA QUINTERO¹, MÓNICA HIGUITA¹, PABLO GUTIÉRREZ¹

¹ Laboratorio de Microbiología Industrial, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín (Colombia).

Correspondencia: Alejandra Pérez. alperezp@unal.edu.co

RESUMEN

Introducción: Los potyvirus constituyen el grupo más amplio y económicamente relevante de virus de ARN de plantas, con impacto en una gran diversidad de cultivos a nivel mundial. Un determinante clave en su ciclo de infección es la interacción entre la proteína viral ligada al genoma (VPg) y factores de iniciación de la traducción como eIF4E, eIF(iso)4E y nCBP. Estas interacciones son fundamentales para la replicación viral y también representan un punto crítico en el desarrollo de resistencia genética en plantas. Cambios mínimos en VPg o en eIF4E/eIF(iso)4E pueden interrumpir esta interacción y generar resistencia en la planta. Sin embargo, sustituciones de aminoácidos en VPg capaces de restaurar la interacción con eIF4E mutado permiten a los potyvirus superar esta resistencia, favoreciendo su adaptación y la eventual evasión de las defensas de la planta.

Métodos: Este trabajo propone la estandarización de un modelo bioinformático para predecir y analizar la compatibilidad estructural entre VPg y homólogos de eIF4E en plantas. Incluyendo una fase de validación comparativa utilizando diferentes programas de modelación molecular y *docking*, para evaluar la calidad y precisión de las estructuras generadas.

Resultados: Se realizó un análisis exhaustivo de las secuencias proteicas para garantizar su correcta anotación, alineamiento y representación estructural, asegurando que el modelo predicho sea el más preciso posible. Los modelos resultantes se emplearán para predecir afinidades de unión y configuraciones espaciales de complejos VPg-factor del hospedero, evaluando cómo mutaciones específicas pueden alterar estas interacciones y proporcionando información sobre la probabilidad de eventos de salto de hospedero en potyvirus.

Conclusiones: El objetivo final es disponer de una herramienta validada y reproducible que ofrezca predicciones altamente precisas sobre las interacciones VPg-eIF4E en potyvirus, sirviendo como base para estudios enfocados en su especificidad y adaptabilidad, así como en el diseño de estrategias de resistencia para cultivos susceptibles a este grupo viral.

Palabras clave: potyvirus, *docking*, modelación molecular.

ÁREA TEMÁTICA: Antivirales.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.813.449>

ACV-2025-123

Determinantes estructurales en derivados diclorados de L-tirosina: metilaciones que definen la actividad y mecanismo antiviral *in vitro* frente a CHIKV

VANESSA LOAIZA-CANO¹, DANIEL PARDO-RODRÍGUEZ²,
MARÍA JOSÉ SANTANDER ZÁRATE², MANUEL RESTREPO³, ELKIN GALEANO³,
MÓNICA PATRICIA CALA MOLINA², MARLÉN MARTÍNEZ-GUTIÉRREZ^{1,4}

¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales (GRICA), Universidad Cooperativa de Colombia, Bucaramanga (Colombia).

² Metabolomics Core Facility - MetCore, Universidad de Los Andes, Bogotá (Colombia).

³ Grupo de Productos Naturales Marinos, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

⁴ Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA), Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Marlén Martínez-Gutiérrez. marlen.martinezg@campusucc.edu.co

RESUMEN

Introducción: Históricamente, los cambios estructurales en las moléculas han sido fundamentales para la identificación y mejora de diferentes actividades biológicas. Compuestos dihalogenados derivados de L-tirosina, han demostrado actividad frente a HIV-1 y a arbovirus como dengue y Zika. El virus chikungunya (CHIKV), es un arbovirus que ha causado múltiples epidemias alrededor del mundo. En los últimos tres años (especialmente en 2025), la incidencia de casos y brotes causados por este virus ha aumentado, sin embargo, no existen antivirales aprobados. El objetivo fue evaluar la actividad antiviral y mecanismo de acción de compuestos diclorados de L-tirosina (dCTyr) frente a CHIKV.

Métodos: Cuatro compuestos sintéticos dCTyr de tipo amina terciaria con diferentes patrones de metilación en los grupos hidroxilo de la molécula fueron evaluados. Las estrategias antivirales *in vitro* fueron realizadas en células Vero contra CHIKV/Col. Las partículas virales infecciosas (PVI) fueron cuantificadas por plaqueo, la expresión de proteína viral por Cell-ELISA, las copias genómicas por RT-qPCR y las rutas metabólicas por metabolómica no dirigida por LC-MS/MS2.

Resultados: En tratamiento combinado, los compuestos 1C y 2C redujeron significativamente la producción de PVI, 3C las aumentó y 4C no tuvo actividad. El posible mecanismo de 1C y 2C fue evaluado. Ninguno tuvo actividad virucida; solo 1C tuvo actividad posterior a la infección, sin inhibición de proteína ni genoma viral, relacionado posiblemente con etapas tardías; y ambos compuestos tuvieron actividad en el tratamiento previo a la infección, pero solo 1C tuvo actividad en etapas tempranas de la infección (adhesión e internalización). Se planteó entonces el posible mecanismo de 2C, dirigido a la modulación del metabolismo celular, y se encontraron cambios, principalmente en los niveles de lípidos y aminoácidos de las células pretratadas-infectadas frente a las células infectadas sin tratar.

Conclusiones: Se evidenció entonces que el patrón de metilación de compuestos dCTyr, determina la actividad anti-CHIKV y su mecanismo de acción.

Palabras claves: chikungunya virus, antivirales, *in vitro*, estructura-actividad, mecanismo de acción, metabolómica.

ÁREA TEMÁTICA: Zoonosis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.813.450>

ACV-2025-124

Impacto de la evolución antigénica inadvertida del virus de influenza A en cerdos de Colombia sobre la capacidad diagnóstica y la preparación para una pandemia

ANDRÉS F. OSPINA-JIMÉNEZ¹, MARÍA A. RINCÓN-MONROY¹,
GLORIA C. RAMÍREZ-NIETO^{1, 2}

¹ Grupo de Investigación en Microbiología y Epidemiología, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia (Colombia).

² Laboratorio Nacional de Diagnóstico Veterinario, Instituto Colombiano Agropecuario (Colombia).

Correspondencia: Andrés F. Ospina-Jiménez. anfospinaji@unal.edu.co

RESUMEN

Introducción: El virus de Influenza A (VIA) circula de forma endémica en cerdos en Colombia desde hace al menos 50 años. Pese a la ausencia de vacunación en el país, hay evidencia que sugiere que en Colombia el VIA es antigénicamente divergente a VIA presentes en otras partes del mundo. Por tanto, el objetivo de este estudio fue determinar el nivel de reactividad cruzada entre virus de referencia internacional ampliamente usados en diagnóstico y el VIA presente en diferentes regiones del país.

Métodos: 74 sueros provenientes de cerdos de las principales regiones productivas, obtenidos entre 2021-2023, fueron evaluados frente a siete virus aislados en el país entre 2008 y 2021 (H1N1, H1N2 y H3N2) y dos virus de referencia internacional (H1N1 y H3N2).

Resultados: Los resultados mostraron que la reactividad serológica en cerdos de Colombia es más alta frente a los virus de campo. De igual manera, se encontró que varias de las muestras que fueron negativas frente a los virus de referencia eran positivas, con títulos altos de anticuerpos, frente a los virus de campo, mostrando que VIA circulando en cerdos en Colombia es antigénicamente diferente a los de referencia.

Conclusiones: Este estudio demuestra que el desconocimiento de las características antigénicas del virus de influenza A afecta negativamente la capacidad diagnóstica y de vigilancia virológica del país, lo cual supone un riesgo para la salud pública y un detrimento a los esfuerzos globales para la preparación frente a un agente con demostrada capacidad zoonótica y potencial pandémico. Adicionalmente, es necesario evaluar y actualizar los virus de referencia usados para el diagnóstico de VIA en el contexto nacional señalando la importancia del país como un posible nicho para la emergencia de variantes antigénicas del VIA que debido a una falta de detección apropiada pueden circular inadvertidamente.

Palabras claves: Orthomyxovirus, drift antigénico, virus emergentes, diagnóstico.

ÁREAS TEMÁTICAS: Virología clínica, Simposio satélite en virus de inmunodeficiencia humana.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.813.451>

ACV-2025-126

Cambios en la frecuencia de colonización y/o enfermedad por *Pneumocystis jirovecii* en personas que viven con VIH y/o neumonía

LILIANA LÓPEZ-MANJARRES¹, KATHERINE PEÑA-VALENCIA¹, WILL ANDERSON RIAÑO¹,
MARIANA HERRERA¹, ANGELA COPETE¹, DIANA MARÍN^{2,3}, LUCELLY LÓPEZ^{2,3},
BEATRIZ SALAZAR¹, OLGA AGUDELO¹, TANIA PÉREZ¹, YOAV KEYNAN^{4,5,6},
ZULMA VANESSA RUEDA⁴

¹ Grupo de investigación Bacterias & Cáncer, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

² Escuela de Ciencias de la Salud, Facultad de Medicina, Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín (Colombia).

³ Grupo de Investigación en Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín (Colombia).

⁴ Medical Microbiology and Infectious Diseases Department, University of Manitoba (Canada).

⁵ Department of Internal Medicine, Max Rady College of Medicine, University of Manitoba, Winnipeg (Canada).

⁶ Department of Community Health Sciences, University of Manitoba, Winnipeg (Canada).

Correspondencia: Liliana López-Manjarres. liliana.lopez2@udea.edu.co

Financiación: Este proyecto fue financiado por Minciencias (Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación) (Número de subvención: 111580763362), la Universidad

de Antioquia, la Universidad Pontificia Bolivariana y la University of Manitoba, que proporcionaron materiales y reactivos para el procesamiento de las muestras. Así mismo, contó en parte con el apoyo del Programa de Cátedras de Investigación de Canadá para ZVR (Premio n.º 950-232963) y con el Emerging Leaders in the Americas Program de EduCanadá. Finalmente, contó con la financiación de talento humano de la Convocatoria 7 del Fondo de Ciencia, Tecnología e Innovación –FCTeI– del Sistema General de Regalías - SGR, cohorte 2.

RESUMEN

Introducción: *Pneumocystis jirovecii* (Pj) es un hongo oportunista causante de neumonía en personas inmunocomprometidas, especialmente en personas que viven con VIH (PVVIH), con una mortalidad del 10-30 %. El papel de la colonización en pacientes inmunosuprimidos aún no se comprende del todo. Este estudio buscó determinar la frecuencia de colonización y/o neumocistosis por *P. jirovecii* en pacientes con VIH y/o neumonía.

Métodos: Se realizó un estudio con dos cohortes: A (retrospectiva) y B (prospectiva), que incluyeron pacientes con VIH, VIH+neumonía y neumonía, reclutados en distintas instituciones de Medellín. Adicionalmente, la cohorte B incluyó un grupo control de voluntarios inmunocompetentes. Se aplicaron criterios de elegibilidad y se recolectaron esputos inducidos (cohorte A) e hisopados nasofaríngeos (cohorte B) en el ingreso y a los seis meses. También se obtuvieron datos sociodemográficos y clínicos. La extracción de ADN se realizó con QIAamp® DNA Mini Kit y la detección de *P. jirovecii* mediante PCR anidada dirigida al gen mtLSU-rRNA; la calidad e integridad del ADN se verificó con PCR al gen de la beta-globina humana.

Resultados: En total se incluyeron 168 individuos: 86 en el grupo 1 (VIH), 12 en el grupo 2 (VIH+neumonía), 9 en el grupo 3 (neumonía) y 61 en el grupo 4 (sanos). En el ingreso, la frecuencia de colonización fue 6,98, 8,3, 0 y 14,8 % en los grupos 1-4, respectivamente. A los seis meses, fue 9,8, 0, 0 y 15,5 %, respectivamente.

Conclusiones: Ningún paciente positivo al ingreso lo fue en el seguimiento, lo que sugiere que la colonización por *P. jirovecii* es un fenómeno temporal y que su detección por PCR no siempre refleja una infección activa.

Palabras clave: *Pneumocystis jirovecii*, colonización, VIH, neumonía, salud pública.

ÁREAS TEMÁTICAS: Biotecnología.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.813.452>

ACV-2025-127

Desarrollo de una PCR múltiplex para la detección de virus respiratorios

LAURA RIASCOS ORJUELA¹, CAROLINA CORONEL RUIZ¹,
LEYDI JOHANA MADROÑERO¹, NURI MERCHÁN CASTELLANOS²,
SONIA DEL PILAR BOHÓRQUEZ ÁVILA³, GERMÁN CAMACHO MORENO⁴, JAIME E.
CASTELLANOS¹, ELIANA PATRICIA CALVO TAPIERO¹

¹ Grupo de Virología, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad el Bosque, Bogotá (Colombia).

² Facultad de Ingeniería, Universidad el Bosque, Bogotá (Colombia).

³ Facultad de Odontología, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá (Colombia).

⁴ Hospital Pediátrico La Misericordia (HOMI), Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Laura Riascos Orjuela. lriascoso@unbosque.edu.co

RESUMEN

Introducción: Los virus respiratorios son la principal causa de infecciones respiratorias agudas (IRA), que afectan particularmente a pacientes pediátricos y ancianos. La detección de estos agentes virales puede realizarse a través de métodos de amplificación de ácidos nucleicos (NAT) como la RT-qPCR. Sin embargo, acceder a recursos necesarios para implementar estos métodos en nuestro país representa costos elevados y tiempos de espera prolongados que pueden entorpecer ensayos clínicos y de investigación. Por lo tanto, se resalta la necesidad de implementar alternativas locales para mitigar la demanda de recursos importados, representando también una disminución en los costos necesarios para acceder a este tipo de herramientas. Así, el objetivo de este trabajo fue desarrollar un ensayo de PCR múltiplex para la detección de 5 virus respiratorios de importancia en Colombia: adenovirus (AdV), influenza A (FluA), Influenza B (FluB), virus sincitial respiratorio (VSR) y SARS-CoV-2.

Métodos: El desempeño del ensayo desarrollado se evaluó con 208 muestras nasofaríngeas (hisopados o aspirados) de pacientes pediátricos sintomáticos que acudieron al Hospital Pediátrico La Misericordia (HOMI), en Bogotá, entre abril y junio de 2024. Las muestras se evaluaron simultáneamente con el kit comercial ALLPLEX RV Master. Se determinó el grado de concordancia entre ambos métodos calculando el coeficiente kappa (κ) de Cohen.

Resultados: En el caso de AdV ($\kappa = 0,950$), FluA ($\kappa = 0,949$) y VSR ($\kappa = 0,898$) se evidenció una concordancia elevada con valores de kappa que se ubican dentro del rango más alto de la escala interpretativa utilizada (0.81-1.00). El número de casos positivos para FluB y SARS-CoV-2 fue muy bajo, por lo que no se consideraron en el análisis de concordancia.

Conclusiones: Estos resultados respaldan la utilidad del sistema *in-house* como alternativa para la detección local de AdV, FluA y VSR, con alto grado de concordancia respecto a un método comercial ampliamente validado.

Palabras clave: IRA, virus respiratorios, detección, PCR múltiplex, RT-qPCR.

ÁREAS TEMÁTICAS: Marcadores de infección viral.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.813.453>

ACV-2025-128

Desarrollo de un ensayo híbrido (RT-PCR anidado en tiempo real) para la detección de virus dengue

ANAMARÍA MUÑOZ SANDOVAL^{1,2}, LUIS ALEJANDRO RAMÍREZ RODRÍGUEZ^{1,2},
JAIME E. CASTELLANOS², ELIANA CALVO T²

¹ Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá (Colombia).

² Grupo de Virología, Universidad El Bosque, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Eliana Calvo T. calvoeliana@unbosque.edu.co

RESUMEN

Introducción: La infección por dengue continúa siendo la enfermedad viral transmitida por vectores más relevante a nivel mundial en términos de morbilidad y mortalidad. En 2024 se presentó la mayor tasa de incidencia registrada en Colombia con 606 94 casos por 100 000 habitantes y un número total de 320 982 casos (PAHO). El desarrollo de métodos de diagnóstico sensibles y específicos sigue siendo fundamental para la detección oportuna y precisa de la infección.

Métodos: En este trabajo se desarrolló un ensayo híbrido que combina las ventajas de la RT-PCR anidada y de la detección en tiempo real, con el cual se busca superar las desventajas de la PCR anidada, como son la necesidad de un método de análisis posterior y el alto riesgo de contaminación cruzada, y, por otro lado, mejorar la sensibilidad de la RT-qPCR. Se evaluó su desempeño en términos de sensibilidad y especificidad analítica, así como su utilidad para la detección de DENV en muestras clínicas de pacientes febriles con sospecha de infección por dengue. La sensibilidad analítica se evaluó empleando diluciones seriadas de cosechas virales de cada uno de los cuatro serotipos de dengue y la especificidad analítica se evaluó con ARN de virus Zika, chikunguña, Mayaro y fiebre amarilla.

Resultados: El ensayo híbrido mostró una sensibilidad analítica superior al de la RT-PCR semianidada y a la RT-qPCR. De las 100 muestras clínicas analizadas, 13 fueron positivas por RT-PCR semianidada, 17 por RT-qPCR y 43 mediante el ensayo híbrido implementado.

Conclusiones: El ensayo desarrollado permitió identificar un mayor número de casos positivos, dada su capacidad de detectar un menor número de copias genómicas en la muestra. El método One step-RT-qPCR-anidado constituye una alternativa altamente sensible, específica y operativamente eficiente para la detección del virus dengue en muestras clínicas.

Palabras clave: arbovirus, dengue, RT-qPCR, PCR anidada, detección.

ÁREA TEMÁTICA: Epidemiología y vigilancia.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.918.614>

ACV-2025-129

Análisis epidemiológico de las infecciones por arbovirus en donantes de sangre y su relación con los casos notificados en el sistema de vigilancia epidemiológica en 2024 en cuatro regiones geográficas de Colombia

WILLIAM ALEXANDER PÉREZ-MANCIPE¹, VALENTINA HERNÁNDEZ-LOAIZA¹,
LAURA CAMILA SUÁREZ-NOVA¹, BRIAN ALEJANDRO CÁCERES¹,
LAURA RIASCOS ORJUELA¹, JHANN ANDRÉS ARTURO¹, CATALINA IBÁÑEZ GALVIS¹,
ADRIANA DEL PILAR URBINA², AYDA NUBIA RODRÍGUEZ³, TATIANA ORTIZ C.³, CELIA
ALVARADO⁴, LEANY ROJAS SARARIEGO⁴, LUISA FERNANDA OSPINA⁵,
KAREN GRANADOS ORTEGÓN⁵, OLGA LUCÍA FERNÁNDEZ⁶, IRIS FLÓREZ CORONEL⁷,
CLAUDIA PATRICIA SANTA RÍOS⁸, YORMARY ROBAYO⁹, ELIANA CALVO TAPIERO¹,
FÉLIX GIOVANNI DELGADO¹, JAIME E. CASTELLANOS¹, CAROLINA CORONEL-RUIZ¹

¹ Grupo de Virología, Universidad El Bosque, Bogotá (Colombia).

² Facultad de Medicina, Grupo INPAC, Fundación Universitaria Sanitas, Bogotá (Colombia).

³ Banco Nacional de Sangre, Cruz Roja Colombiana, Bogotá (Colombia).

⁴ Banco de Sangre Antioquia, Cruz Roja Colombiana, Medellín (Colombia).

⁵ Hemocentro Valle del Cauca, Cruz Roja Colombiana, Cali (Colombia).

⁶ Banco de Sangre Quindío, Cruz Roja Colombiana, Armenia (Colombia).

⁷ Banco de Sangre Bolívar, Cruz Roja Colombiana, Cartagena (Colombia).

⁸ Hemocentro del Café, Cruz Roja Colombiana, Manizales (Colombia).

⁹ Punto de Captación de Sangre, Cruz Roja Colombiana, Meta (Colombia).

Correspondencia: William Alexander Pérez-Mancipe. wiperez@unal.edu.co

RESUMEN

Introducción: Las arbovirosis son enfermedades víricas que se transmiten a través de la picadura de mosquitos del género *Aedes* y han llegado a ser consideradas como un problema de salud pública mundial y también representan un riesgo para la seguridad transfusional, ya que los criterios de diferimiento para estas arbovirosis se basan solo en la ausencia de síntomas en los donantes. El objetivo del estudio fue analizar las infecciones por arbovirus (DENV, CHIKV, y ZIKV) en donantes de sangre y su relación con los casos notificados en el sistema de vigilancia epidemiológica en 2024 en cuatro regiones geográficas de Colombia.

Métodos: Se realizó diagnóstico molecular de las infecciones por DENV, CHIKV y ZIKV, y la detección de anticuerpos IgM específicos para estos arbovirus en muestras donantes de sangre recolectadas en diferentes sedes del Banco de Sangre de la Cruz Roja Colombiana ubicadas en cuatro regiones geográficas (Andina, Caribe, Orinoquía y Pacífico) durante 2024. Esta información se comparó con los registros de informes de evento y boletín epidemiológico semanal (BES) del Instituto Nacional de Salud (INS) durante el período de estudio.

Resultados: El análisis integró la evaluación de 1316 muestras de donantes de sangre en las que se identificó un total de 218 infecciones activas por arbovirus (RT-PCR Positivo o IgM Positivo), correspondientes a DENV (9.6 %), CHIKV (3.9 %) y ZIKV (3.4 %). Al comparar las infecciones activas por DENV en los donantes se encontró acuerdo con las semanas epidemiológicas en las que se presentó aumento en la notificación de casos de dengue a nivel nacional. En el caso de CHIKV, el número de muestras positivas en los donantes fue similar al total de casos confirmados a nivel nacional 52 vs. 51, mientras que las infecciones por ZIKV identificadas en los donantes superó el valor de casos notificados 45 vs. 37, respectivamente.

Conclusiones: El análisis muestra la circulación de los tres arbovirus en Colombia, responsables del desarrollo de infecciones –síntomáticas y asintomáticas– en la población. Estos resultados resaltan la necesidad de la inclusión de pruebas de detección de los arbovirus en tamizaje de rutina en banco de sangre, la vigilancia activa de las infecciones en la población, y evaluar el efecto de las infecciones asintomáticas en la transmisión.

Palabras clave: arbovirus, RT-PCR, serología, donantes de sangre.

ÁREAS TEMÁTICAS: Virología clínica, Arbovirus.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.918.615>

ACV-2025-130

Dengue grave congénito: una entidad emergente dentro del espectro SCORTCH

JUAN JOSÉ AVENDAÑO CONTRERAS¹, CAMILA ANDREA PACHECO PAREDES¹,
FERNANDO MENDOZA BULA²

¹ Residente de Pediatría, Facultad de Ciencias de la Salud, Exactas y Naturales,
Universidad Libre Seccional Barranquilla (Colombia).

² Infectólogo pediatra, Clínica de Especialidades del Hospital Infantil Napoleón Franco
Pareja, Cartagena (Colombia).

Correspondencia: Camila Andrea Pacheco Paredes. caanpapa27@gmail.com

RESUMEN

Introducción: El dengue es la enfermedad viral transmitida por mosquitos más extendida en el mundo, con gran impacto en salud pública. La transmisión vertical, aunque poco común, puede ocasionar cuadros graves en neonatos que simulan otras infecciones perinatales.

Métodos: Neonato de 7 días, previamente sano, consultó por fiebre de un día, se sospechó sepsis neonatal tardía y se inició Oxacilina + Amikacina. Al ingreso sin hallazgos clínicos relevantes. Se procedió con los exámenes paraclínicos descritos en la sección de resultados.

Resultados: Neonato presentó hemoconcentración, trombocitopenia y PCR elevada. Al tercer día desarrolló exantema, hepatoesplenomegalia, neumonía basal derecha, coagulopatía (TP 20.9 s, TPT 75.1 s), colestasis (BT 1.5 mg/dL, FA 186 mg/dL, GGT 277 mg/dL, LDH 2.866 U/L), hipertransaminasemia (ALT 454 U/L, AST 2.609 U/L), hipoalbuminemia (2.3 g/dL) y trombocitopenia grave (30 000 células/ μ L) con necesidad transfusional. Ante evolución tórpida por insuficiencia hepática se descartaron otras etiologías. En el reinterrogatorio se identificó que la madre presentó fiebre intra-parto, confirmándose dengue (IgM positiva). Al neonato se le solicitó serología con NS1 positivo; IgM/IgG negativas, estableciendo dengue neonatal grave por transmisión vertical, que requirió manejo dinámico. Evolucionó favorablemente y egresó al séptimo día, asintomático en el seguimiento.

Conclusiones: Aunque infrecuente, el dengue congénito puede ser severo. Su presentación clínica en neonatos es variable, inespecífica y semeja sepsis, lo cual dificulta el diagnóstico. En este caso, la disfunción hepática, trombocitopenia, coagulopatía y exantema orientaron a un origen viral. La clínica materna compatible y la confirmación serológica permitieron el diagnóstico. En recién nacidos hijos de madres sintomáticas, especialmente en zonas endémicas, es clave la sospecha clínica para un diagnóstico y manejo oportuno, lo cual disminuye la morbimortalidad. Este caso respalda la inclusión del dengue congénito dentro del acrónimo SCORTCH como entidad emergente y relevante.

Palabras clave: dengue grave, transmisión vertical, congénito, neonato, insuficiencia hepática.

13 al 15 de noviembre de 2025

ÁREAS TEMÁTICAS: Virología clínica, Simposio satélite en virus de inmunodeficiencia humana.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.918.616>

ACV-2025-131

Síndrome de desgaste como manifestación de infección por VIH: reporte de un caso

JUAN JOSÉ AVENDAÑO CONTRERAS¹, CAMILA ANDREA PACHECO PAREDES¹,
ANDREA CRISTINA RESTREPO HINCAPIÉ¹, FERNANDO MENDOZA BULA²

¹ Residente de Pediatría, Facultad de Ciencias de la Salud, Exactas y Naturales, Universidad Libre Seccional Barranquilla (Colombia).

² Infectólogo pediatra. Clínica de Especialidades del Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja, Cartagena (Colombia).

Correspondencia: Camila Andrea Pacheco Paredes. caanpapa27@gmail.com

RESUMEN

Introducción: El síndrome de desgaste es una complicación poco frecuente de la infección por VIH, considerada condición definitoria de sida y estadio clínico C. Su clínica inespecífica puede confundirse con otras patologías crónicas, lo cual retrasa el diagnóstico.

Métodos: Adolescente masculino de 13 años, antecedente de asma no controlada, con un año de hiporexia, pérdida de peso no intencionada, diarrea (3-4/día) y fiebre, con múltiples consultas a urgencias tratadas sintomáticamente. En la última semana presentó exacerbación de síntomas y tos seca persistente, siendo remitido a institución de mayor complejidad. Ingresó con mal estado nutricional (IMC y talla: -2 DE), palidez, xerosis, crépitos en hemitórax derecho, dedos en palillo de tambor y uñas en vidrio de reloj. Se consideró crisis asmática y diarrea crónica, por lo cual se solicitó paraclínicos.

Resultados: Se encontraron los siguientes hallazgos: anemia microcítica hipocrómica, heterogénea arregenerativa, leucopenia con neutropenia, reactantes de fase aguda elevados, hipoalbuminemia y hepatomegalia por ecografía. Prueba rápida para VIH fue positiva, confirmada con ELISA de 4ª generación, carga viral de 69 368 copias/mL y CD4 de 42 células/mL, clasificándose como VIH 3C. Hospitalizado durante un mes, y se estableció vía de contagio sexual, se recuperó estado nutricional e inició tratamiento con TDF/FTC + RAL, profilaxis con azitromicina y TMS/SMX, además de fluconazol y apoyo en salud mental con fluoxetina. Presentó buena adherencia.

Conclusiones: En este caso se resalta la importancia de considerar la infección por VIH en un adolescente con manifestaciones clínicas multisistémicas y compromiso nutricional severo, con múltiples consultas sin diagnóstico definitivo; inclusive sin antecedentes claros de riesgo conocidos. Es necesario fortalecer los programas de detección temprana y educación sexual en esta población. Además, manejo multidisciplinario que incluya no solo la terapia antirretroviral, sino también soporte nutricional y acompañamiento en salud mental para lograr estabilidad clínica y adherencia terapéutica.

Palabras clave: VIH, sida, síndrome de desgaste, pérdida de peso, diarrea.

ÁREAS TEMÁTICAS: Virología clínica. Simposio satélite en virus de inmunodeficiencia humana.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.918.617>

ACV-2025-132

VIH y oportunistas silenciosos: un triple desafío diagnóstico

JUAN JOSÉ AVENDAÑO CONTRERAS¹, CAMILA ANDREA PACHECO PAREDES², FERNANDO MENDOZA BULA³

¹ Residente de Pediatría, Facultad de Ciencias de la Salud, Exactas y Naturales, Universidad Libre Seccional Barranquilla (Colombia).

² Infectólogo pediatra, Clínica de Especialidades del Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja, Cartagena (Colombia).

Correspondencia: Camila Andrea Pacheco Paredes. caanpapa27@gmail.com

RESUMEN

Introducción: El VIH pediátrico sigue siendo un problema de salud pública que afecta a 1,4 millones de niños, de los cuales solo el 55 % recibe TAR. Las infecciones oportunistas agravan la morbi-mortalidad y representan un reto diagnóstico y terapéutico.

Métodos: Masculino de 11 años, con trastorno de habilidades escolares y VIH diagnosticado a los 11 meses, por fallecimiento de padre debido a infección de *novo*, en manejo con 3TC/AZT + RAL (falla virológica con ABC/3TC + LPV/RTV), fluconazol y TMP/SMX, consulta por cuadro de 7 días de fiebre y aftas. Al ingreso, con muguet manejado con nistatina. Se procedieron con los exámenes paraclínicos, los cuales se presentan junto con los resultados en siguiente sección.

Resultados: Tomografía (TAC) de tórax con adenopatías parahiliares y atelectasias, carga VIH 47 816 copias y genotipificación con resistencia a RTV (mutación T97A/Y13R), por lo que se cambió esquema a DRV/r + DTG. Paraclínicos con anemia normocítica normocrómica, leucopenia con linfopenia, carga VIH de 82 238 copias y CD4 de 8 células/ μ L, IgG Toxoplasma gondii positiva, carga CMV 73 copia, TAC de cráneo y tórax normales. Por discordancia en reportes se realizó fibrobroncoscopia con lavado, resultando galactomanano positivo. Oftalmología evidenció coriorretinitis activa y cicatrices maculares bilaterales. La resonancia cerebral mostró hiperintensidades múltiples en sustancia blanca.

Conclusiones: Se diagnosticó aspergilosis, coriorretinitis por T. gondii y leucoencefalopatía asociada a sida. Se inició Voriconazol e inmunoglobulina intravenosa (IGIV) cada 21 días hasta lograr indetectabilidad viral y recuperación inmunológica. Tras un año, el paciente alcanzó CD4 \geq 200 células/ μ L, suspendió profilaxis y no requirió más IGIV, con buena evolución clínica. Este caso resalta la importancia de sospechar infecciones oportunistas en pacientes con inmunosupresión severa por VIH. El ajuste oportuno de TAR y el uso complementario de IGIV favorecieron la mejoría inmunológica y clínica. En pacientes pediátricos con VIH avanzado, el diagnóstico precoz de oportunistas es clave para reducir morbi-mortalidad y alcanzar estabilidad clínica.

Palabras clave: aspergilosis, coriorretinitis, infecciones oportunistas, leucoencefalopatía, VIH.

ÁREA TEMÁTICA: Ómicas.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.918.618>

ACV-2025-133

Metatranscriptómica aplicada a la identificación de virus en especies de culícidos en las regiones de Amazonas y Cesar en Colombia

DANIEL FERNANDO LARGO¹, HAROLD DAVID GÓMEZ¹, GIOVAN F. GÓMEZ²,
HOWARD JUNCA³, GLORIA E. CADAVID¹, RAFAEL J. VIVERO GÓMEZ¹,
CLAUDIA X. MORENO HERRERA¹

¹ Grupo de Investigación en Microbiodiversidad y Bioprospección, Universidad Nacional de Colombia, Medellín (Colombia).

² Dirección Académica, Escuela de Pregrados, Universidad Nacional de Colombia, La Paz (Colombia).

³ RG Microbial Ecology: Metabolism, Genomics & Evolution, Div. Ecogenomics & Holobionts, Microbiomas Foundation, Chia (Colombia).

Correspondencia: Claudia X. Moreno Herrera. cxmoreno@unal.edu.co

RESUMEN

Introducción: Múltiples especies de culícidos participan en la transmisión de arbovirus de importancia en salud pública. No obstante, un gran número de especies mantienen ciclos enzooticos sin interacción directa con poblaciones humanas. Factores ambientales, incluidos los asociados al cambio climático, están modificando la distribución de estos vectores y aumentando la probabilidad de emergencia de nuevos virus. En este contexto, y aprovechando los avances en secuenciación de nueva generación, se requiere fortalecer la vigilancia de arbovirus y virus insecto-específicos. El conocimiento sobre la circulación de estos virus en regiones biodiversas de Colombia, como la Amazonía y el Caribe, continúa siendo limitado.

Métodos: Con el fin de contribuir a llenar este vacío, realizamos un análisis preliminar del viroma de 20 *pools* de culícidos recolectados en entornos rurales, urbanos y selváticos de los departamentos de Cesar y Amazonas. Las muestras incluyeron especies de los géneros *Aedes*, *Culex*, *Psorophora* y *Coquillettidia*. El material genético fue secuenciado en plataforma Illumina NovaSeq 6000, seguido de filtrado, ensamblaje y análisis bioinformático para la identificación viral.

Resultados: Nuestros resultados confirman la presencia de virus insecto-específicos pertenecientes a las familias Chuviridae, Xinmoviridae y Rhabdoviridae, en concordancia con reportes previos en culícidos. También se pudieron detectar miembros de la familia Flaviviridae en *pools* de *Aedes*.

Conclusiones: Estos hallazgos amplían el conocimiento sobre la diversidad de virus insecto-específicos en Colombia y resaltan la necesidad de incorporar la vigilancia metatranscriptómica en programas de salud pública. Asimismo, plantean interrogantes sobre el papel de estos virus en la ecología y biología de los vectores, con potenciales implicaciones en la transmisión de arbovirus.

Palabras clave: virus insecto-específicos, arbovirus, ecología viral, bioinformática.

ÁREA TEMÁTICA: Evolución viral.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.918.619>

ACV-2025-135

Análisis filodinámico y filogeográfico del virus de la hepatitis C en usuarios de drogas inyectables 1998 - 2023

MARÍA C. LÓPEZ-OSORIO¹, ANDRÉS CARDONA², MANUELA ARISTIZÁBAL VALENCIA²,
SANTIAGO ALVAREZ-CARDENAS¹, DIANA DI FILIPPO¹, DEDSY BERBESI-FERNÁNDEZ³,
GONZALO BARRETO⁴, MARÍA-CRISTINA NAVAS¹

¹ Grupo Gastrohepatología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

² Laboratorio Genómico One Health, Universidad Nacional, Medellín (Colombia).

³ Facultad de Enfermería, Universidad CES, Medellín (Colombia).

⁴ Subdirección Estratégica y de Análisis, Ministerio de Justicia y del Derecho, Gobierno de Colombia.

Correspondencia: María-Cristina Navas. maria.navas@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: Los usuarios de drogas inyectables (PID) son una población importante en la epidemiología de la infección por el virus de la Hepatitis C (VHC) a nivel global. En el marco de la política integral “Ruta Futuro” del Ministerio de Justicia y del Derecho en 2021 se realizó un tamizaje de infección por VHC en PID en Armenia y en Cúcuta (Colombia). Esta investigación permitió la caracterización de 45 secuencias de VHC. El objetivo de este estudio es el análisis filodinámico y filogeográfico de las secuencias de VHC caracterizadas en esta población de PID y secuencias de VHC aisladas desde 1998 a nivel global, con el fin de estudiar los periodos de mayor diversidad genética y cómo ha sido la circulación de este virus en América.

Métodos: Se realizó una búsqueda en Genbank de secuencias de VHC aisladas en PID, y se obtuvieron alrededor de 1128 secuencias de diferentes países del mundo; se logró un tamaño representativo de 106 secuencias. Las secuencias fueron alineadas usando MAFFT v.7. Los análisis filodinámicos y filogeográficos se realizaron con Beast v10.5.0 con 200 millones de generaciones y un modelo de reloj relajado y GTR+G+I. Adicionalmente, para los análisis filodinámicos y filogeográficos se usaron los modelos de Skygrid y Constant Size, respectivamente.

Resultados: Los resultados parciales muestran que la diversidad genética y el tamaño poblacional del VHC eran altos desde el 2000 hasta 2010; a partir de este año se observa una disminución hasta 2020, año en que se evidencia nuevamente un incremento. Los análisis filogeográficos muestran que las secuencias de VHC aisladas en Colombia son provenientes de Canadá; además se logra evidenciar una circulación constante de cepas de VHC entre estos dos países a lo largo del tiempo.

Conclusiones: El genotipo 1 subgenotipo 1a de VHC es el más prevalente en esta población, lo que concuerda con lo reportado en otros estudios.

Palabras clave: virus de la hepatitis C, filodinámica, filogeografía, PID, diversidad genética, circulación, tamaño poblacional.

ÁREA TEMÁTICA: Patogénesis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.918.620>

ACV-2025-136

Evaluación de la activación de la vía ERK1/2 en monocitos U937 estimulados con partículas inactivadas de SARS-CoV-2 y modulada por vitamina D

SHARON PENAGOS¹, ANGÉLICA LONDOÑO¹, JOHANNA C. ARROYAVE-OSPINA¹,
SILVIO URCUQUI-INCHIMA², WBEIMAR AGUILAR-JIMÉNEZ², MARÍA-CRISTINA NAVAS¹

¹ Grupo Gastrohepatología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

² Grupo Inmunovirología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: María-Cristina Navas. maria.navas@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: La vía de señalización ERK1/2 es importante en la respuesta inmune innata a infecciones virales. Durante la infección por SARS-CoV-2, la interacción de los monocitos y macrófagos con células infectadas o con proteínas virales, como Spike, activa receptores de reconocimiento de patrones tales como los receptores tipo Toll (TLR) que desencadenan la activación de la vía de señalización ERK1/2, con la consecuente liberación de mediadores proinflamatorios. Recientemente se describió la interacción de la proteína E del SARS-CoV-2 con el TLR2, lo que genera la activación del factor de transcripción NF- κ B y la producción de la quimiocina proinflamatoria CXCL8, que también es regulada por la vía ERK1/2. Dado que la Vitamina D3 puede regular negativamente la expresión de TLR, su uso representa una estrategia potencial de inmunomodulación en casos de COVID-19 grave. El objetivo de este estudio es evaluar la activación de la vía ERK1/2 en monocitos inducida por partículas de SARS-CoV-2, variante B.1, en presencia o ausencia de vitamina D.

Métodos: Se establecieron cultivo de monocitos, derivados de la línea celular U937, y se estimularon con el virus inactivado, mediante exposición a luz UV por 30 min, con adición de la vitamina D en diferentes tiempos de cultivo (-2 h, 0 h y 2 h).

Resultados: La activación de la vía se evaluará en las células obtenidas 24 horas postratamiento mediante un ensayo de inmunoblot, utilizando anticuerpos específicos contra las formas fosforilada y total de ERK1/2 y contra la proteína β -actina.

Conclusiones: Los resultados del estudio permitirán aportar evidencia *in vitro* del papel de la vitamina D en la regulación de la vía ERK1/2 en monocitos humanos estimulados con partículas de SARS-CoV-2 inactivadas, modelo que permite la exposición de estas células del sistema inmune a las proteínas Spike y E presentes en la envoltura viral.

Palabras claves: COVID-19, SARS-CoV-2, ERK1/2, inflamación, vitamina D, monocitos.

ÁREA TEMÁTICA: Marcadores de infección viral.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.918.621>

ACV-2025-137

Caracterización de la capacidad infecciosa y adsorción del virus chikungunya en hemocomponentes almacenados

BRIAN ALEJANDRO CÁCERES MUNAR¹, CAROLINA CORONEL-RUIZ¹,
VALENTINA HERNÁNDEZ LOAIZA¹, MARIANA PEÑALOZA¹, ADRIANA URBINA²,
AYDA RODRÍGUEZ³, ELIANA CALVO¹, FÉLIX DELGADO¹, JAIME CASTELLANOS¹

¹ Grupo de Virología, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque, Bogotá (Colombia).

² Grupo INPAC, Facultad de Medicina, Fundación Universitaria Sanitas, Bogotá (Colombia).

³ Banco Nacional de Sangre, Cruz Roja Colombiana (Colombia).

Correspondencia: Brian Alejandro Cáceres Munar. bcaceres@unbosque.edu.co

RESUMEN

Introducción: La transmisión del virus chikunguña (CHIKV) puede representar un riesgo para la seguridad transfusional en Colombia. Este estudio tuvo por objetivo analizar la persistencia, capacidad infecciosa y adsorción de CHIKV en componentes sanguíneos.

Métodos: Se inocularon concentrados de plaquetas (3mL sin tratamiento con choque térmico y con este) y unidades de glóbulos rojos (30 mL) con $1.5\text{-}2.5 \times 10^7$ unidades formadoras de placa (UFP) de CHIKV. Las plaquetas se almacenaron a $20\text{-}25^\circ\text{C}$ bajo agitación y los glóbulos rojos a 4°C . Se recolectaron alícuotas de las plaquetas diariamente durante cinco días y de glóbulos rojos cada siete días hasta seis semanas. Para evaluar la adsorción viral en glóbulos rojos, se obtuvieron precipitados tras centrifugación con lavados sucesivos. El genoma viral se cuantificó mediante RT-qPCR y la capacidad infecciosa se determinó por ensayos de formación de placas en células vero. La adsorción del virus a la superficie de glóbulos rojos se confirmó por RT-qPCR y microscopía de fluorescencia. Las diferencias en copias genómicas y partículas virales infecciosas fueron analizadas mediante pruebas no paramétricas (Kruskal-Wallis y Dunn, $p < 0.05$).

Resultados: En plaquetas, hasta el día cuatro se observó una disminución significativa en copias virales (de 2.1×10^4 a 6.7×10^3 copias/ μL) y en partículas infecciosas (de 1.3×10^5 a 5.5×10^4 UFP/mL). Al día cinco, las plaquetas sin choque térmico mostraron un aumento significativo en el número de copias virales comparadas con las tratadas térmicamente, mientras que la infectividad continuó disminuyendo. En los glóbulos rojos, las copias virales disminuyeron significativamente a partir de la semana cuatro, pero la infectividad se mantuvo estable durante las seis semanas. La adsorción viral en glóbulos rojos se confirmó desde las primeras dos horas de interacción.

Conclusiones: CHIKV persiste en glóbulos rojos y plaquetas con tendencia a disminuir, la adsorción del virus en los glóbulos rojos podría favorecer su estabilidad implicando un riesgo para la seguridad transfusional.

Palabras clave: arbovirus, seguridad de la sangre, componentes sanguíneos, donantes de sangre.

ÁREAS TEMÁTICAS: Virología clínica.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.918.622>

ACV-2025-138

Síndrome de dengue ampliado en paciente pediátrico con presentación de complicaciones cardíacas, hematológicas, hepáticas, neurológicas y renales

MICHAEL MUÑOZ ROSA¹, KEIDY LUNA RAMÍREZ², ANA SUBSCÚN ANTEQUERA²,
JUAN JOSÉ AVENDAÑO CONTRERAS³, ANGÉLICA LUCÍA PANTOJA ESPINOSA⁴,
HERNANDO SAMUEL PINZÓN REDONDO⁵

¹ Infectólogo pediatra, Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja, Cartagena (Colombia).

² Residente de Pediatría, Facultad de Ciencias de la Salud, Exactas y Naturales, Universidad Libre Seccional Barranquilla (Colombia).

³ Residente de Pediatría, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Cartagena (Colombia).

⁴ Médico, Servicio de Infectología Pediátrica, Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja, Cartagena (Colombia).

⁵ Infectólogo pediatra, director Grupo de Infectología Pediátrica, Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja. Docente, Facultad de Medicina, Universidad de Cartagena (Colombia).

Correspondencia: Juan José Avendaño Contreras. juanho-2899@hotmail.com

RESUMEN

Introducción: El dengue, enfermedad viral con prevalencia creciente, representa una alta carga para la salud pública; tiene distintas formas de presentación clínica, hasta síndrome de dengue ampliado, en el que hay distintos grados de afectación orgánica.

Métodos: Se presenta el caso de un masculino de 11 años, sano, con cefalea, mialgias, artralgias, fiebre y dolor abdominal. Al tercer día, con hemoptisis, con consulta a hospital local, donde fue hospitalizado. Estudios iniciales con NS1 positivo para dengue, trombocitopenia ($<20.000/\text{mm}^3$), leucocitosis ($>30.000/\text{mm}^3$), alteraciones de función renal y hepática, coagulopatía, LDH elevada, ascitis y derrame pleural).

Resultados: Se considera diagnóstico de dengue grave; se trasladó a UCIP y se manejó según el plan C de la OMS. Presentó convulsión tónico-clónica generalizada, manejada con benzodiacepinas y fenitoína, y dificultad respiratoria progresiva, por lo cual requirió oxigenoterapia de alto flujo, después intubación orotraqueal. Estudios para evaluar diagnósticos diferenciales, negativos. Se documentaron: hepatitis (transaminasas ≥ 1.000 UI/L), encefalopatía, hipoglucemia, lesión renal aguda KDIGO 2 y síndrome hemofagocítico (160 puntos en la escala HSCORE, 25–40 % de probabilidad), evidenciado por fiebre persistente, citopenias, ferritina elevada, alteración hepática y esplenomegalia. La miocarditis se diagnosticó por taquicardia persistente, signos clínicos de bajo gasto, disfunción sistólica en ecocardiografía y elevación del Pro-BNP. Adicionalmente, presentó neumonía bilateral extensa y fungemia por *Candida parapsilosis*, tratada con Caspofungina por 14 días. Requirió soporte transfusional y terapia de reemplazo renal. Evolucionó favorablemente hasta lograr retiro de soportes y posterior egreso hospitalario.

Conclusiones: Este caso destaca la importancia del monitoreo estrecho y del abordaje multidisciplinario, donde el tratamiento oportuno, soporte multimodal y seguimiento dinámico permiten mejorar la sobrevida, incluso en escenarios clínicos de alta complejidad. Se concluye que las manifestaciones del síndrome de dengue ampliado son variadas y pueden afectar múltiples sistemas, lo cual es infrecuente y hace necesario reconocer tempranamente signos de alarma y complicaciones raras para implementar intervenciones que mejoren el pronóstico.

Palabras clave: dengue ampliado, encefalopatía, nefritis, miocarditis, síndrome hemofagocítico.

ÁREA TEMÁTICA: Respuesta inmune.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.918.623>

ACV-2025-139

Cuantificación de títulos de anticuerpos neutralizantes contra fiebre amarilla mediante un ensayo de microneutralización

BRIAN ALEJANDRO CÁCERES¹, JORGE LUIS BONILLA-ALDANA¹, ISABEL SANDOVAL¹,
CAROLINA CORONEL-RUIZ¹, FÉLIX DELGADO¹, JAIME CASTELLANOS¹

¹ Grupo de Virología, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Brian Alejandro Cáceres. bcaceres@unbosque.edu.co

RESUMEN

Introducción: El reciente brote de fiebre amarilla (FA) en Colombia evidenció la necesidad de implementar herramientas para medir títulos de anticuerpos neutralizantes en personas vacunadas y evaluar su protección. El objetivo de este estudio fue cuantificar los títulos de anticuerpos neutralizantes en población vacunada en Colombia.

Métodos: Se amplificó el virus de la FA (cepa 17D) en células vero en confluencia. La titulación viral se realizó sembrando células vero y BHK-21 en placas de 96 pozos; después de 16 horas, las células fueron infectadas con seis diluciones seriadas en base 10 del virus, y posteriormente, cubiertas con un medio semisólido compuesto (carboximetilcelulosa al 1 %. Tras 48 horas, las células se fijaron con paraformaldehído (PFA) al 4 % y las unidades formadoras de focos (UFF) fueron detectadas mediante una tinción con un anticuerpo 4G2 contra flavivirus (dilución 1:200), seguido de un anticuerpo secundario conjugado con peroxidasa de rábano picante (HRP, dilución 1:5.000). La visualización se realizó usando una reacción cromogénica con 3,3'-diaminobenzidina (DAB). Para medir los títulos de anticuerpos neutralizantes, se tomaron sueros de 20 individuos vacunados, diluidos inicialmente 1:40 y sometidos a nueve diluciones seriadas en base 3. Estas diluciones se incubaron durante una hora a 37 °C con cantidades conocidas de FA, y luego se inocularon en células vero y BHK sembradas previamente en placas de 96 pozos. Tras la infección, las monocapas se recubrieron con medio semisólido y se fijaron a las 48 horas. Las UFF se detectaron y visualizaron con el mismo procedimiento de tinción descrito anteriormente. El título de neutralización 50 (FRNT50) fue calculado utilizando el paquete estadístico Prism 10.

Resultados: Los títulos de FA obtenidos en los dos tipos de líneas celulares estuvieron entre 4×10^4 y $2,5 \times 10^5$ UFF/mL, y los títulos de anticuerpos neutralizantes de los individuos estaban entre 1:10 y 1:640.

Conclusiones: Se estandarizó un ensayo de microneutralización para la medición de títulos de anticuerpos neutralizantes contra la fiebre amarilla.

Palabras clave: fiebre amarilla, microneutralización, anticuerpos neutralizantes, vacunación.

ÁREA TEMÁTICA: Ómicas.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.918.624>

ACV-2025-142

Caracterización del viroma de *Spodoptera frugiperda* (biotipo maíz) mediante RNA-seq para la búsqueda de agentes con potencial en biocontrol

NATALIA LÓPEZ RIVERA¹, ANNY J. YEPES-ACEVEDO¹, CAROLINA MONTOYA-RUIZ²,
CLARA SALDAMANDO¹, CLAUDIA XIMENA MORENO HERRERA³

¹ Grupo de Biotecnología Vegetal, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Medellín (Colombia).

² Grupo de Biotecnología Vegetal, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Nacional de Colombia, Medellín (Colombia).

³ Grupo de Microbiodiversidad y Bioprospección, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Claudia Ximena Moreno Herrera. cisaldam@unal.edu.co

RESUMEN

Introducción: *Spodoptera frugiperda* es una plaga devastadora que afecta cultivos como maíz, algodón, sorgo y caña de azúcar, generando pérdidas millonarias a nivel mundial. El biotipo maíz presenta amplia distribución y creciente resistencia a insecticidas, lo que resalta la necesidad de estrategias de control sostenibles. Entre ellas, los virus asociados al insecto representan una alternativa prometedora, aunque en Colombia el conocimiento sobre su viroma es limitado. El objetivo de este estudio fue caracterizar el viroma de larvas de *S. frugiperda* (biotipo maíz) para identificar virus con potencial en biocontrol.

Métodos: Se recolectaron tres larvas en instar sexto que se alimentaban de plantas de maíz diferentes en Envigado (Antioquia); del cuerpo completo de las larvas se extrajo y purificó RNA, y se realizó secuenciación Illumina NovaSeq 6000 (paired-end). El análisis bioinformático incluyó control de calidad (FastQC), limpieza de lecturas (Trimmomatic), ensamblaje (rnaSPAdes) e identificación de virus mediante BLASTx contra la base de datos viral de NCBI.

Resultados: Se detectaron secuencias virales correspondientes a las familias *Phenuiviridae*, *Baculoviridae* y *Belpaoviridae*. Actualmente, se avanza en la clasificación a nivel de género y en análisis filogenéticos.

Conclusiones: Estos resultados preliminares constituyen uno de los primeros acercamientos al viroma de *S. frugiperda* en Colombia y abren nuevas perspectivas para el desarrollo de estrategias de biocontrol para esta plaga.

Palabras clave: *Spodoptera frugiperda*, transcriptoma, viroma, biocontrol.

ÁREA TEMÁTICA: Epidemiología y vigilancia.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.918.625>

ACV-2025-143

Estrategia de vigilancia por laboratorio de la fiebre amarilla en Colombia: experiencias del brote 2024-2025

LISSETHE CAROLINA PARDO HERRERA¹, MAYRA ALEJANDRA PORRAS GUTIÉRREZ¹,
ADRIANA MARCELA RODRÍGUEZ PAZ¹, GISELLE CAROLINA CLAVIJO YATE,
MARIA FERNANDA BUSTAMANTE RESTREPO¹, CLAUDIA LIZETH CETINA BARAJA¹,
NIEVES JOHANA AGUDELO CHIVATA², MARTHA STELLA AYALA SOTELO¹,
SERGIO YEBRAIL GÓMEZ RANGEL¹

¹ Grupo de Virología, Dirección de Redes en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá (Colombia).

² Dirección de Vigilancia y Análisis del Riesgo en Salud Pública, Instituto Nacional de Salud, Bogotá (Colombia).

Correspondencia: Sergio Yebrail Gómez Rangel. sgomezr@ins.gov.co

RESUMEN

Introducción: Fiebre amarilla hace parte del reglamento sanitario internacional (RSI) que es vinculante para los países de las Américas. En Colombia, el Instituto Nacional de Salud (INS) cuenta con protocolos de vigilancia epidemiológica que permiten la toma de decisiones, fortalecimiento de la vacunación y control vectorial. El Laboratorio Nacional de Referencia (LNR) lidera la confirmación de casos humanos y primates no humanos (PNH) y realiza la búsqueda activa en el territorio nacional para estimar distribución de la enfermedad y aportar a indicadores de riesgo.

Métodos: Se analizaron muestras notificadas al sistema, priorizando muestras agudas. Se aplica algoritmo definido por la OPS con detección molecular por RT-PCR. Se incluyen casos vivos y fallecidos, y estudios por histopatología e inmunohistoquímica. Los virus detectados son incluidos en la caracterización genómica rutinaria. El LNR realiza búsqueda activa por diagnóstico diferencial en el territorio nacional.

Resultados: Se han analizado 2678 muestras notificadas para fiebre amarilla (2024-2025), y 3145 muestras febriles adicionales como diagnóstico diferencial. 128 casos se han confirmado en 10 departamentos, incluyendo 53 mortalidades; Tolima con mayor confirmación (84,2 %). Se ha realizado búsqueda activa en 31 departamentos. La histopatología y detección de antígeno amarílico han correlacionado con la detección viral por RT-PCR en la mayoría de las mortalidades. 64 epizootias se han confirmado en PNH con concentraciones virales elevadas en las muestras analizadas. En mortalidades y PNH, el virus se ha detectado con mayor frecuencia en hígado, bazo y tejido cerebral (PNH). Los análisis genéticos han confirmado la circulación del genotipo Suramericano I.

Conclusión: La vigilancia por laboratorio de la fiebre amarilla permite estimar la distribución de la enfermedad, aunque es un componente que debe ligarse a coberturas de vacunación adecuadas y educación comunitaria para detección de riesgos. El LNR mantiene las actividades propias de su misionalidad para este evento como parte del RSI.

Palabras clave: arbovirus, fiebre amarilla, vigilancia epidemiológica, Colombia, Epizootia.