BIOTA COLOMBIANA
ISSN impreso 0124-5376
ISSN digital 2539-200X
DOI 10.21068/c001

Artículos

Diagnóstico de hemoparásitos, enteroparásitos y virus de importancia zoonótica en poblaciones urbanas de *Columba livia* en Colombia

Detection of hemoparasites, gastrointestinal parasites, and zoonotic viruses in urban populations of *Columba livia* in Colombia

Nubia E. Matta [a], **Andrés Felipe Aponte-Gutiérrez** [b], **Lina Marcela Pérez Arenas** [a]
Felipe Andrés Gaitán Albarracín [a], **Brayan Andrés Gamboa-Suárez** [ac]
Jesús Alfredo Berdugo [b], **Lady Johana Correa Higuera** [d], **Angie D. González G.** [a]

a Grupo de Estudio Relación Parásito Hospedero, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá, Colombia
b Grupo de Investigación en Ciencias de la Orinoquía, Universidad Nacional de Colombia, sede Orinoquía, Colombia
c Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá, Colombia
d Laboratorio de Estudios Moleculares de la Región Orinoquía, Universidad Internacional del Trópico Americano, Colombia

Recibido: septiembre 16, 2025
Aceptado: febrero 25, 2026
Publicado en línea: noviembre 3, 2026
https://doi.org/10.21068/2539200X.1350

CC BY NC ND

Resumen

Tras la pandemia de COVID-19, la vigilancia epidemiológica de patógenos con potencial zoonótico ha adquirido mayor relevancia. *Columba livia*, especie introducida ampliamente distribuida en ambientes urbanos de Colombia, alberga diversos agentes infecciosos. Sin embargo, su papel en la circulación del virus del Nilo Occidental (VNO) y la influenza aviar (VIA) sigue siendo poco conocido. El objetivo de este estudio fue evaluar la presencia de enteroparásitos, hemoparásitos y de ambos virus en poblaciones ferales de Bogotá, Arauca y Aguazul. Se analizaron muestras fecales, sanguíneas, orofaríngeas y cloacales de 48 individuos mediante microscopía y RT-qPCR. Se detectó *Haemoproteus columbae* como el hemoparásito más frecuente y enteroparásitos de los géneros *Eimeria*, *Blastocystis*, entre otros, en Arauca y Bogotá. No se obtuvo evidencia de infección activa por VIA ni por VNO. La confirmación de los resultados mediante RT-qPCR con SYBR Green permitió descartar como falsos positivos las muestras inicialmente reactivas para VNO por TaqMan. Estos hallazgos resaltan la importancia de confirmar los resultados moleculares con valores de Ct cercanos al límite de detección y respaldan la vigilancia epidemiológica de especies sinantrópicas como herramienta para el monitoreo de patógenos de importancia en salud pública.

Palabras clave: Una Salud, especies invasoras, enfermedades emergentes, reservorios animales, salud urbana.

Abstract

Following the COVID-19 pandemic, epidemiological surveillance of pathogens with zoonotic potential has gained increasing importance. *Columba livia*, an introduced species widely distributed in urban environments throughout Colombia, harbors a variety of infectious agents. However, its role in the circulation of West Nile virus (WNV) and avian influenza virus (AIV) remains poorly understood. This study evaluated the occurrence of gastrointestinal parasites, hemoparasites, and both viruses in feral pigeon populations from Bogotá, Arauca, and Aguazul. Fecal, blood, oropharyngeal, and cloacal samples were collected from 48 individuals and analyzed using microscopy and RT-qPCR. *Haemoproteus columbae* was the most frequently detected hemoparasite, while gastrointestinal parasites belonging to the genera *Eimeria* and *Blastocystis*, among others, were identified in Arauca and Bogotá. No evidence of active infection with AIV or WNV was detected. Confirmation of the molecular results by SYBR Green RT-qPCR demonstrated that samples initially reactive for WNV by the TaqMan assay were false positives. These findings highlight the importance of confirming molecular results with cycle threshold (Ct) values close to the detection limit and support epidemiological surveillance of synanthropic species as a valuable strategy for monitoring pathogens of public health importance.

Keywords: One Health, invasive species, emerging infectious diseases, animal reservoirs, urban health.

Introducción

El cambio global, expresado en procesos como la urbanización acelerada, la transformación de los paisajes, la alteración de las rutas migratorias y el incremento de las interacciones entre fauna silvestre, animales domésticos y seres humanos, ha favorecido la emergencia y reemergencia de enfermedades zoonóticas. En este contexto, la vigilancia epidemiológica de especies silvestres y sinantrópicas se ha convertido en un componente fundamental para la detección temprana de patógenos con potencial impacto sobre la salud pública y la biodiversidad. En 1951, el Comité de Expertos en Zoonosis de la Organización Mundial de la Salud definió las zoonosis como las “enfermedades e infecciones que son transmitidas naturalmente entre animales vertebrados y humanos” (Chomel, 2009). Las aves constituyen reservorios de diversos agentes zoonóticos, entre ellos bacterias, hongos, virus y ectoparásitos como ácaros y garrapatas (Kozdruń et al., 2015). En este contexto, la paloma común *(Columba livia)*, especie nativa del sur de Eurasia y el norte de África (Saborido-Calderón, 2009), ha alcanzado una distribución prácticamente cosmopolita gracias a su introducción y adaptación a ambientes urbanos. En Colombia, esta especie ha sido señalada como un potencial reservorio de agentes zoonóticos (Saborido-Calderón, 2009; González-Acuña et al., 2007).

Entre las zoonosis asociadas a *C. livia* aviar se han documentado clamidiosis, criptococosis, aspergilosis, salmonelosis, listeriosis y colibacilocis causada por cepas resistentes a antibióticos, cuya transmisión puede ocurrir por inhalación de aerosoles generados a partir de excretas o por contacto directo con estas (Barbosa-Brugés et al., 2021; Haag-Wackernagel et al., 2004; González-Acuña et al., 2007; Vasconcelos et al., 2018). En Colombia, además, se ha registrado la presencia del hemoparásito *Haemoproteus* spp. y de los parásitos intestinales *Eimeria, Ascaridia, Capillaria* y el céstodo *Raillietina* en esta especie (Walteros-casas et al., 2021). Asimismo, *C. livia* ha sido objeto de investigaciones relacionadas con virus de importancia en salud pública, entre ellos el virus del Nilo Occidental (VNO), el virus de la influenza aviar (VIA), el virus de la encefalitis de San Luis, el virus de la rubéola y el virus de la encefalomielitis equina (Gibbs et al., 2005; Komar et al., 2001; Komar et al., 2003; Mansour et al., 2014; Ramos et al., 2017; Spedicato et al., 2016).

Entre las enfermedades zoonóticas, las infecciones representan un problema creciente para la salud pública mundial (Tomori & Oluwayelu, 2023). En particular, el VIA y el VNO han ocasionado brotes con efectos importantes sobre poblaciones de aves

silvestres, aves domésticas y mamíferos susceptibles (LaDeau et al., 2007; Blagodatski et al., 2021). El VIA se transmite principalmente por contacto directo con aves infectadas o con secreciones respiratorias y heces contaminadas. Es causado por virus de la influenza tipo A, clasificados según las proteínas de superficie hemaglutinina (HA) y neuraminidasa (NA), involucradas en la entrada y liberación viral, respectivamente (Webster et al., 1992; De Marco et al., 2023; Velásquez et al., 2023).

En Colombia, la primera detección de VIA se registró en Medellín en 2015, mediante el análisis de 160 muestras procedentes de diversas especies comercializadas en mercados de animales. De ellas, 31 resultaron positivas para la variante H11N2, principalmente en anseriformes y galliformes, mientras que las muestras de *C. livia* fueron negativas. Los análisis filogenéticos evidenciaron la relación de las cepas colombianas con variantes H11N2 previamente identificadas en Chile (2013) y Estados Unidos (2010-2013) (Jiménez-Bluhm et al., 2016). Posteriormente, desde 2022 se han documentado 66 brotes de influenza aviar altamente patógena en aves silvestres y de corral en el país (Ciuoderis, 2025; Instituto Colombiano Agropecuario, 2025; Meneses-Cardona, 2025).

Por su parte, el VNO es un arbovirus de la familia Flaviviridae, transmitido por mosquitos del género *Culex*, los cuales adquieren la infección al alimentarse de aves que actúan como hospedadores amplificadores (Heidecke et al., 2023; Liang & Dai, 2024). En Colombia, se ha detectado en equinos de la región Caribe (Mattar et al., 2005) y se ha evidenciado la exposición mediante anticuerpos en el Meta y Antioquia (Góez-Rivillas et al., 2010). En 2012 también se confirmó la infección por VNO en 18 flamencos mantenidos en un zoológico de Antioquia (Osorio et al., 2012). Hasta la fecha, no se han reportado nuevos casos confirmados de infección por VNO en vertebrados, incluidos los seres humanos.

En un contexto de cambio global, caracterizado por la expansión de los ambientes urbanos y el aumento de la interacción entre fauna silvestre, especies sinantrópicas y poblaciones humanas, las aves residentes como *C. livia* podrían desempeñar un papel relevante en la dinámica de transmisión de patógenos. Su estrecha asociación con ambientes urbanos, su elevada abundancia y su contacto frecuente con aves migratorias y vectores como mosquitos convierten a esta especie en un organismo de interés para la vigilancia epidemiológica. En este sentido, las principales ciudades de Colombia, donde las poblaciones de palomas ferales alcanzan altas densidades, representan escenarios estratégicos para el monitoreo de patógenos zoonóticos (Barbosa-Brugés et al., 2021; Cano-Terriza et al., 2015).

Como aporte a la vigilancia epidemiológica en un escenario de cambio global, el objetivo del presente estudio fue evaluar la presencia de hemoparásitos, parásitos gastrointestinales y virus con potencial zoonótico, específicamente el virus de la influenza aviar y el virus del Nilo Occidental, en poblaciones de *C. livia* de tres ciudades de Colombia: Bogotá, Arauca y Aguazul. Se planteó como hipótesis que, de mantenerse los patrones de ocurrencia previamente reportados para esta especie en la región, se detectaría la presencia de hemoparásitos y parásitos gastrointestinales en las poblaciones evaluadas.

Materiales y métodos

Localidades de muestreo

El estudio se realizó con individuos de *C. livia* capturados en tres ciudades de Colombia con diferencias en tamaño poblacional, condiciones climáticas y contexto geográfico: Bogotá (Cundinamarca), Arauca (Arauca) y Aguazul (Casanare). Bogotá, ubicada a 2600 m s. n. m., concentra más de ocho millones de habitantes y presenta un clima frío de alta montaña. En contraste, Arauca y Aguazul se localizan en la región de la Orinoquía colombiana, caracterizada por un clima cálido con temporadas secas y lluviosas definidas. Entre estas dos ciudades, Arauca cuenta con una población urbana aproximada de 70 000 a 80 000 habitantes, mientras que Aguazul presenta el menor tamaño poblacional de las localidades evaluadas.

En Arauca, las capturas se realizaron en el parque principal Simón Bolívar (7,085318° N, 70,757776° O) y en el parque Caldas (7,087456° N, 70,757831° O). En

Bogotá, el área de muestreo se localizó entre las calles 45 y 53 (7,3758° N, 74,0413° O). En Aguazul, los individuos fueron capturados en el colegio San Agustín (5,167571° N, 72,542351° O) y el terminal de transporte (5,168812° N, 72,549734° O).

Captura e identificación

Los muestreos se realizaron entre marzo y abril de 2024. Previamente se identificaron sitios de concentración de *C. livia*, donde las aves fueron atraídas mediante cebo compuesto por granos de maíz y pan. Una vez agrupados los individuos, se efectuó la captura utilizando redes de niebla de 6 y 12 m de longitud, con un tamaño de malla de 36 mm, las cuales se dejaron caer sobre el grupo de aves.

Los individuos capturados fueron transportados de manera individual en bolsas de tela y liberados en el mismo sitio de captura una vez finalizado el muestreo. Las muestras biológicas fueron trasladadas al laboratorio para su procesamiento.

Para cada individuo (n = 48) se registraron las siguientes variables morfométricas: culmen total, culmen expuesto, altura y ancho del pico a la altura de las narinas, rictus, longitud del ala, longitud de la cola, longitud del tarso y masa corporal.

Toma de muestras

Para la detección de hemoparásitos se obtuvo aproximadamente 50 µL de sangre mediante punción de la vena braquial. Con cada muestra se prepararon tres extendidos sanguíneos y el volumen restante se conservó en etanol absoluto para sus análisis posteriores.

Adicionalmente, se obtuvieron hisopados cloacales y orofaríngeos para la detección molecular de VIA y VNO. Cada hisopo se depositó inmediatamente en tubos de criopreservación con DNA/RNA Shield (Zymo Research, Cat. No. R1200-25, USA) para preservar la integridad del material genético hasta su procesamiento.

Las muestras fecales destinadas al diagnóstico de parásitos intestinales se recolectaron directamente de las bolsas de transporte o durante la defecación del individuo en el momento de la toma del hisopado cloacal.

Diagnóstico parasitológico

Los extendidos sanguíneos se secaron al aire y se fijaron en metanol absoluto durante cinco minutos el mismo día de su preparación. Posteriormente, se tiñeron con Giemsa al 4 % durante 45 minutos (Matta & Rodríguez 2001). Las preparaciones fueron examinadas mediante microscopía óptica utilizando un microscopio Olympus BX43 equipado con cámara digital DP-72 y el software CellSens versión 1.11. La identificación morfológica de los hemoparásitos se realizó siguiendo la clave taxonómica de Valkiūnas e Iezhova (2022). La intensidad de infección se estimó como el número de eritrocitos parasitados por cada 10 000 glóbulos rojos examinados.

Para la detección de parásitos intestinales se prepararon montajes húmedos con solución salina y Lugol. Una pequeña porción de materia fecal se dispersó sobre cada reactivo utilizando un aplicador de madera, se cubrió con laminilla y se examinó mediante microscopía óptica.

Análisis molecular para la detección de VIA y VNO

Extracción de ácidos nucleicos

El RNA se extrajo a partir de los hisopados cloacales y orofaríngeos utilizando el kit Quick-DNA/RNA™ MagBead (Cat. No. R2130; Zymo Research, CA, USA), de acuerdo con las instrucciones del fabricante. Se obtuvieron 48 eluídos de hisopados cloacales y 48 de hisopados orofaríngeos, los cuales se emplearon para la detección molecular de VIA y VNO.

Detección molecular de VIA mediante RT-qPCR múltiple con sondas TaqMan

La detección molecular del VIA se realizó mediante RT-qPCR múltiple utilizando dos sistemas de cebadores y sondas. El primero estuvo dirigido al gen de la matriz (M), con los cebadores sentido (S) 5’-TGGAAAGTGTAARAAACGGAACGT-3’ y antisentido (AS) 5'-CGGTWYTGAGGGCTTACRTGG-3', y la sonda 5'-FAM-WCCCCAGGWGGWGGACTG-BHQ1-3', permitiendo la amplificación de una región conservada del gen M de los virus influenza A y B.

El segundo sistema fue específico para el subtipo H5 del gen de la hemaglutinina (HA) e incluyó los cebadores S

5'-GGAAAGTGTAARAAACGGAACGGAACGT-3' y AS 5'-TGCTAGGGAACTCGCMACTG-3', junto con la sonda 5'-Cy5-ACTCCCCACTTATTTCCTCTCTCT-BHQ1-3'.

Como control endógeno se empleó un sistema dirigido al gen 18S rRNA del hospedero vertebrado, conformado por los cebadores S 5'-GAGCTAATACATGCCGACGAG-3' y AS 5'-CTAGAGTCACCAAAGCTGCC-3', y la sonda TaqMan 5'-HEX-CGACCTCCGGGGACG-BHQ1-3', que amplifica un fragmento de 97 pb, de acuerdo con Zyrianova y Zaripov (2022).

Como control positivo de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) se utilizó el vector de clonación pMG-Amp (Macrogen Inc., Seúl, Corea del Sur), que contenía las secuencias blanco de hibridación correspondientes a los cebadores y sondas empleados (Anexo 1). La preparación de la mezcla de reacción y las condiciones de amplificación se realizaron según Cárdenas et al. (2005).

Detección molecular de VNO mediante RT-qPCR múltiple con sondas TaqMan

La detección molecular de VNO se realizó mediante RT-qPCR múltiple utilizando los cebadores y la sonda descritos por Vázquez et al. (2016): WNV S 5'-CGGAAGTYGRGTAKACGGTGCTG-3', WNV AS 5'-CGGTWYTGAGGGGGCTTACRTGG-3' y la sonda 5'-FAM-WCCCCAGGWGGGGACTG-BHQ1-3'.

Como control positivo se empleó un plásmido que contenía las secuencias blanco correspondientes al VNO y al gen 18S rRNA (Anexo 1), de acuerdo con Matta et al. (2025). La preparación de la mezcla de reacción y el perfil térmico siguieron el protocolo descrito por estos autores.

Confirmación de VNO mediante RT-qPCR monoplex

Las muestras positivas para VNO mediante RT-qPCR múltiple fueron sometidas a una prueba de confirmación mediante RT-qPCR monoplex con detección SYBR Green, utilizando los mismos cebadores de detección y el control endógeno descritos por Matta et al. (2025).

Adicionalmente, se diseñaron cebadores específicos a partir de la secuencia de referencia NC_009942.1 (West Nile virus lineage 1) disponible en el National Center for Biotechnology Information (NCBI). Para la región no estructural NS5 se evaluaron tres pares de cebadores: WNV_500_19 S (5'-TGCCACTATGCCTACATGGTTC-3') y WNV_500_19 AS (5'-TGCGGTACCTAGTGAACTCTTCT-3'), que flanquean la porción proximal de NS5 en sentido 5’-3’; WNV_500_21 S (5'-TGTTGTGACACCCTCCTTTGTG-3') y WNV_500_21 AS (5'-TATGGGTGGTTCTCATCGTGGT-3'), dirigidos a la región media; y WNV_500_27 S (5'-TTTTGAGGAGAAAGTCAGGCCG-3') junto con WNV_500_27 AS (5'-CTGGTTGTGCAGAGCAGAAGAT-3'), orientados hacia la porción distal. En conjunto, estos cebadores abarcan aproximadamente 2714 pb correspondientes a la región NS5 del genoma viral.

Asimismo, se diseñaron cebadores dirigidos a genes de la cápside (WNV_500_1 S [5'-GCCTGTGTGAGCTGACAAACT-3'] y WNV_500_1 AS [5'-TACCGTCATCATCACCTTCCCT-3']) y de la envoltura viral (WNV_500_3 S [5'-CCAAGGCCACAAGGTATTTGGT-3'] y WNV_500_3 AS [5'-GCTTCCTTTGCCAAATAGTCCG-3']).

La mezcla de reacción consistió en 5 µL de Master Mix, 0,5 µM de cada cebador, 1 µL de RNA extraído y agua libre de nucleasas hasta completar un volumen final de 10 µL. El perfil térmico comprendió una etapa de transcripción inversa a 55 °C durante 2 min, seguida de una desnaturalización inicial a 95 °C durante 10 minutos y 40 ciclos de 95 °C durante 15 s y 60 °C durante 1 min.

Los resultados se interpretaron a partir de los valores de ΔCt (*threshold cycle*) y del análisis de las curvas de disociación (*melting curve*), obtenidos con un equipo QuantStudio 5 (Applied Biosystems) y analizados mediante el software Design & Analysis versión 2.2.0.

Resultados

Ocurrencia de hemoparásitos e intensidad de infección

El análisis microscópico de los extendidos sanguíneos evidenció la presencia de *Haemoproteus columbae* (Figura 1) en 35 de los 48 individuos examinados (72,9 %). La intensidad de infección presentó una

amplia variación entre individuos. El mayor nivel de parasitemia se registró en el individuo GERPH BO49, capturado en Bogotá, con un 23,12 % de eritrocitos infectados (Tabla 1).

Enteroparásitos

En Arauca se analizaron 17 individuos, todos positivos para al menos un enteroparásito (100 %). Los taxones identificados correspondieron a *Eimeria* sp. (64,70 %), Eimeriidae (17,64 %), levaduras (11,76 %), *Blastocystis* sp. (5,9 %) y Oxyuridae (5,88 %) (Figura 2).

En Bogotá, 12 de los 14 individuos analizados 85,7 % presentaron enteroparásitos. Se observaron huevos de helmintos pertenecientes a Ascarididae (21,4 %), Capillariidae (7,1 %), Strongylida (7,1 %), y Spirurida (7,1 %). Asimismo, se detectaron ooquistes de *Eimeria* sp. (28,6 %) y *Blastocystis* sp. (7,14 %) y levaduras en el 57,1 % de las muestras (Figura 2).

En contraste, en los individuos evaluados en Aguazul no se detectaron parásitos gastrointestinales. Los resultados detallados para cada localidad se presentan en la Tabla 1.

Figura 1. Formas parasitarias de *Haemoproteus columbae* observadas en eritrocitos de la paloma común (*Columba livia*). **A)** Microgametocito; **B)** macrogametocito; **C)** eritrocito con dos microgametocitos; **D)** eritrocito con un microgametocito y un macrogametocito. Extendidos sanguíneos teñidos con Giemsa.

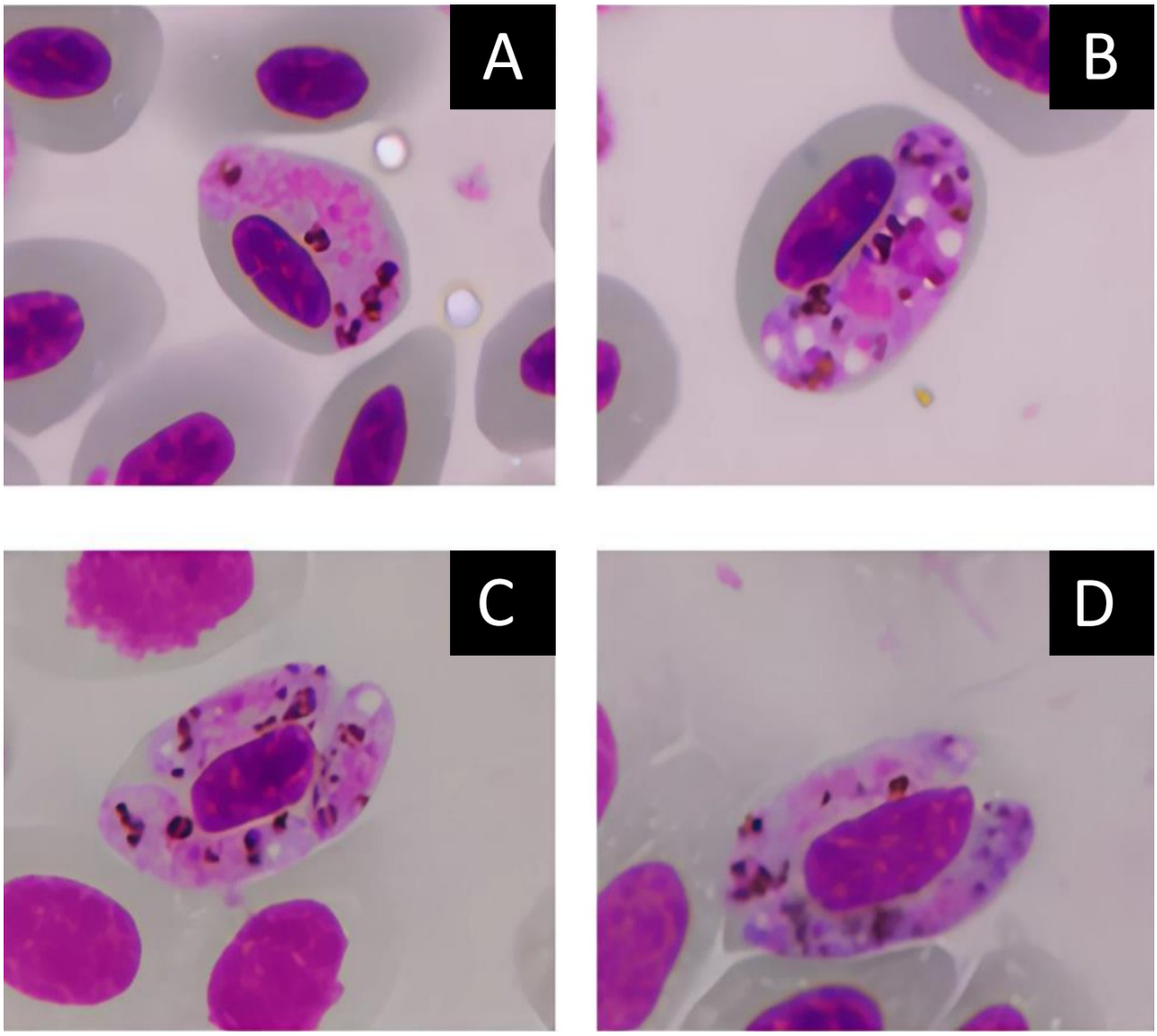


Figura 2. Formas parasitarias observadas en muestras fecales de *Columba livia*. **A–C)** huevos de Ascarididae; **D)** huevo de Capillariidae; **E)** huevo de Oxyuridae; **F)** levaduras; **G–I)** ooquistes de *Eimeria* sp. Barra de escala = 20 µm.

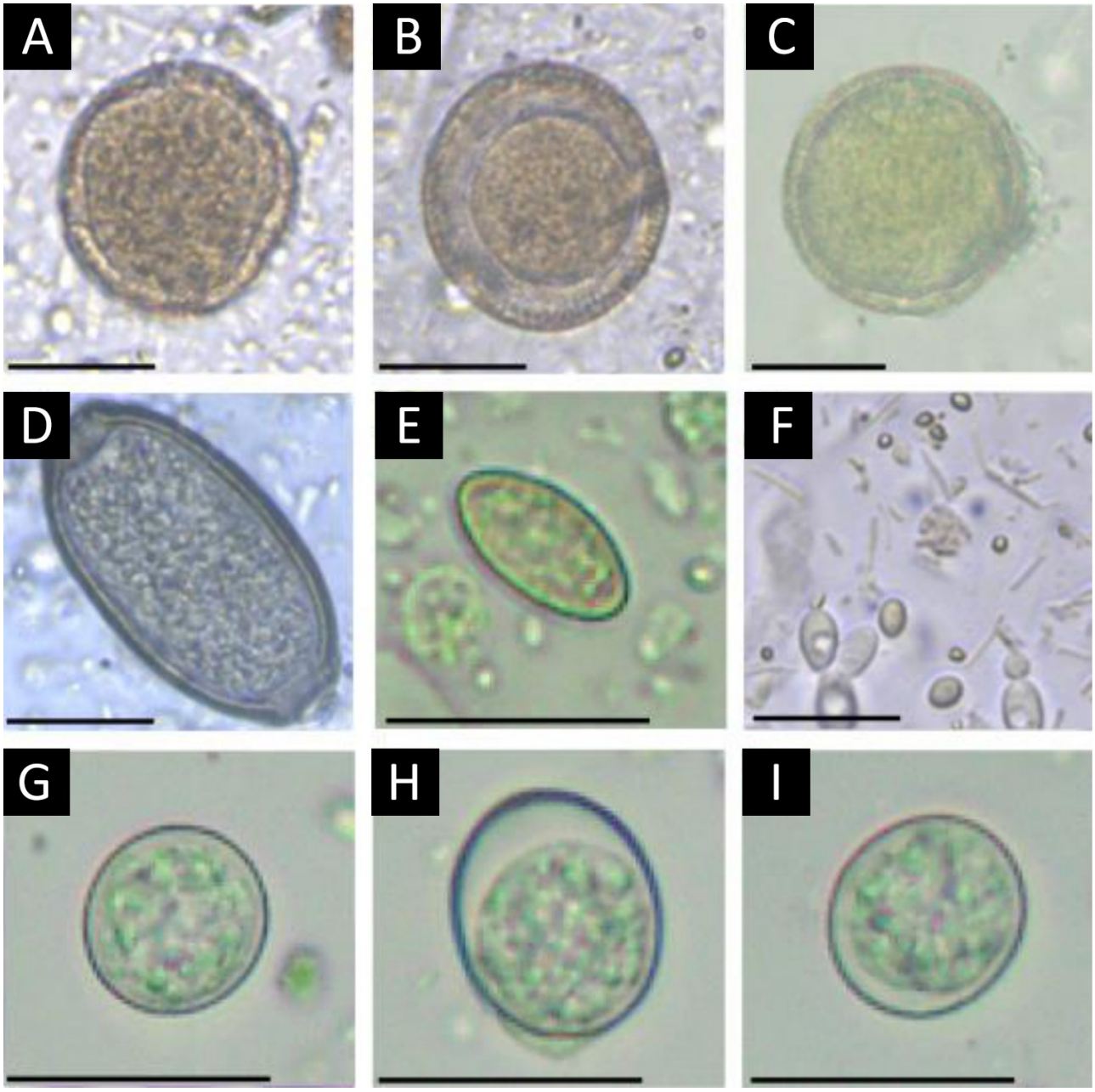


Tabla 1. Frecuencia de hemoparásitos y enteroparásitos en poblaciones de *Columba livia* de tres ciudades de Colombia.

Localidad	N	Hemoparásitos n (%)	Parasitemia (%)*	Enteroparásitos n (%)
Aguazul	17	9 (52,9)	0 - 0,98	0 (0)
Arauca	17	12 (70,5)	0 - 1,02	17 (100)
Bogotá	14	14 (100)	0,05 - 23,12	12 (85,7)
Total	48	35 (72,9)	0 - 23,12	29 (60,41)

Nota. * La parasitemia corresponde al porcentaje de eritrocitos infectados estimado a partir del conteo de 10 000 eritrocitos.

Tabla 2. Resumen de los resultados de la detección molecular de virus de importancia zoonótica en *Columba livia*.

Localidad	N	VIA orofaríngeo †	VIA cloacal †	VNO orofaríngeo ‡	VNO cloacal ‡
Aguazul	17	1	1	8	0
Arauca	17	1	1	0	0
Bogotá	14	1	1	10	4
Total	48	3	3	18	4

Notas. † Muestras con amplificación del gen M mediante RT-qPCR (Ct > 37); ninguna cumplió el criterio de positividad establecido para el virus de la influenza aviar (VIA); ‡ Muestras inicialmente reactivas para el virus del Nilo Occidental (VNO) mediante RT-qPCR con sondas TaqMan (Ct < 38); ninguna fue confirmada posteriormente mediante RT-qPCR con SYBR Green.

Detección molecular del VIA mediante RT-qPCR múltiple

La RT-qPCR múltiple dirigida a los genes M y H5 detectó amplificación para el gen M en tres de los 48 eluídos de hisopados orofaríngeos y en tres de los 48 eluídos de hisopados cloacales analizados (Tabla 2; Anexo 5). En los hisopados orofaríngeos, las muestras con amplificación correspondieron a Arauca (AUA 73; Ct = 37,605), Aguazul (CA 1993; Ct = 37,568) y Bogotá (BO 52; Ct = 37,329) (Anexo 5 y Anexo 6). En los hisopados cloacales, las muestras con amplificación fueron Arauca (AUA 71; Ct = 39,714), Aguazul (CA 1981; Ct = 37,014) y Bogotá (BO 41, Ct = 38,000) (Anexo 5 y Anexo 6).

No obstante, las muestras no presentaron un valor de Ct inferior al umbral de positividad establecido (< 37), por lo que ninguna fue considerada positiva para la detección de VIA (Anexo 5 y Anexo 6).

No se obtuvo amplificación del gen H5 en ninguna de las muestras analizadas. Los controles positivos (control endógeno del hospedero y el plásmido con la secuencia blanco) mostraron la amplificación esperada, mientras que el control negativo no evidenció contaminación.

Detección molecular de VNO mediante RT-qPCR con sondas TaqMan

Para la detección del VNO en hisopados orofaríngeos se estableció como criterio de positividad un valor de Ct inferior a 38. Bajo este criterio, 18 de los 48 eluídos analizados (37,5 %) fueron inicialmente clasificados como positivos.

La mayor frecuencia de muestras se registró en Bogotá, con 10 de 14 individuos (71,4 %) y valores de Ct entre 33,003 y 36,017 (Anexo 5 y Anexo 7). En Aguazul se identificaron 8 muestras positivas de 17 analizadas (47,1 %), con valores de Ct entre 34,190 y 37,245 (Anexo 5 y Anexo 7). Ninguna muestra procedente de Arauca cumplió el criterio de positividad.

En los hisopados cloacales se identificaron 4 muestras con Ct inferiores a 38 (8,3 %), todas procedentes de Bogotá, con valores comprendidos entre 33,881 y 35,908 (Anexo 5 y Anexo 7).

Los controles positivos (control endógeno del hospedero y plásmido con la secuencia blanco) amplificaron según lo esperado, mientras que el control negativo no mostró evidencia de contaminación.

Confirmación de las detecciones de VNO mediante RT-qPCR con SYBR Green

Las muestras clasificadas inicialmente como positivas para VNO mediante RT-qPCR múltiple con sondas TaqMan fueron reevaluadas mediante RT-qPCR monoplex con SYBR Green para confirmar su estatus diagnóstico. En una primera etapa se utilizaron los mismos cebadores empleados en la prueba inicial (Anexo 2) y, posteriormente, cebadores dirigidos a regiones de la cápside, la envoltura (Anexo 3) y la región NS5 del genoma viral (Anexo 4).

En ninguno de los ensayos se obtuvieron productos de amplificación específicos ni curvas de fusión compatibles con los amplicones esperados para VNO.

Discusión

La transmisión interespecífica (*spillover*) de patógenos es uno de los principales mecanismos de emergencia de enfermedades infecciosas, como lo evidenció recientemente la pandemia SARS-CoV-2. En este contexto, la vigilancia epidemiológica de reservorios silvestres y sinantrópicos representa una herramienta fundamental para la detección temprana de agentes con potencial zoonótico. En el presente estudio se evaluó la presencia de hemoparásitos, enteroparásitos y dos virus de importancia en salud pública (VIA y VNO) en poblaciones urbanas de *Columba livia* de tres ciudades colombianas. Los resultados indican la ausencia de evidencia molecular de infección activa por VIA y VNO en los individuos analizados, mientras que se registró una alta frecuencia de hemoparásitos y enteroparásitos, en concordancia con reportes previos para la especie (Coral et al., 2015; Saborido-Calderón, 2009; González-Acuña et al., 2007).

La comparación entre Bogotá, Arauca y Aguazul permitió evaluar poblaciones establecidas en ciudades con marcadas diferencias demográficas, climáticas y de urbanización. No obstante, estas diferencias no se reflejaron en la ocurrencia de hemoparásitos ni de enteroparásitos entre Bogotá y Arauca. El principal contraste se observó en Aguazul, donde no se detectaron enteroparásitos en los individuos examinados, lo que sugiere que factores locales, más que el tamaño poblacional o el grado de urbanización, podrían influir sobre la dinámica de transmisión de estos organismos.

Eimeria sp. fue el enteroparásito más frecuente, con prevalencias del 64,7 % en Arauca y 28,6 % en Bogotá. Estos valores superan los reportados previamente para Envigado y Villavicencio (Pérez-García et al., 2015; Uribe & Silva, 2021; Walteros-Casas et al., 2021). Las especies del género *Eimeria* son los agentes etiológicos de la coccidiosis aviar, enfermedad de importancia en la producción de palomas por su asociación con diarrea, anorexia, emaciación y disminución del desempeño reproductivo (Abdel-Gaber et al., 2023; He et al., 2024). En este estudio no fue posible identificar las especies mediante criterios morfológicos o moleculares, por lo que futuros trabajos deberán abordar su caracterización taxonómica y distribución en Colombia.

Las especies de *Eimeria* presentan una elevada especificidad de hospedador y no se consideran zoonóticas (Joyner & Long, 1974; Hofmannová et al., 2016). Sin embargo, su alta frecuencia en poblaciones urbanas de *C. livia* resulta de interés ecológico, ya que la abundante acumulación de excretas favorece la persistencia ambiental de otros agentes infecciosos. Además, se ha propuesto que los coccidios aviares pueden funcionar como indicadores de condiciones ambientales, densidad poblacional y estado sanitario de las comunidades de aves (Berto & Lopes, 2020). En

consecuencia, el monitoreo de *Eimeria* en poblaciones ferales y en aves silvestres urbanas puede aportar información relevante sobre la dinámica de transmisión de parásitos en ambientes urbanos.

La mayor frecuencia de *Eimeria* registrada en Arauca podría estar relacionada con las condiciones climáticas de la región, dado que la esporulación de los ooquistes ocurre con mayor rapidez en ambientes cálidos (25-30 °C), favoreciendo la reinfección (Norton & Chard, 1983; Mesa-Pineda et al., 2021). Asimismo, la variación observada entre localidades probablemente responda a la interacción de factores como la densidad de las poblaciones de palomas, las condiciones higiénico-sanitarias y las características ambientales propias de cada ciudad. En Bogotá, por ejemplo, se ha identificado previamente la Plaza de Bolívar como un foco importante de transmisión de *Eimeria* (Uribe & Silva, 2021). La baja frecuencia de capiláridos observada en este estudio coincide igualmente con los registros previos para esta ciudad.

Aunque en Bogotá se ha reportado la presencia de *Cryptosporidium* sp. en palomas urbanas (Martínez Ramírez et al., 2021), este parásito no fue evaluado debido a que requiere metodologías diagnósticas diferentes a las empleadas en el presente trabajo. En conjunto, la elevada frecuencia de parásitos gastrointestinales observada confirma que las poblaciones urbanas de *C. livia* albergan una comunidad parasitaria diversa, con potencial impacto sobre la condición fisiológica y reproductiva de las aves (Parsani et al., 2014).

El hemoparásito *Haemoproteus columbae* presentó una frecuencia elevada, consistente con lo reportado para poblaciones de *C. livia* en diferentes regiones del mundo, incluyendo Sudáfrica y Brasil, así como en estudios previos realizados en Colombia (Chagas et al., 2016; Coral et al., 2015; Cepeda et al., 2019; Walteros-Casas et al., 2021; Nebel et al., 2020). En algunos individuos se registraron parasitemias particularmente altas, como BO49 (23,1 %) y BO52 (12 %), este último además con coinfección por levaduras. Aunque esta asociación podría sugerir un estado de compromiso fisiológico, los datos obtenidos no permiten establecer dicha relación. Estudios previos indican que incluso cargas elevadas de *H. columbae* no necesariamente producen alteraciones clínicas evidentes, aunque sí pueden ocasionar lesiones histopatológicas en diferentes órganos (Coral et al., 2015; Cepeda et al., 2019). Dado que *H. columbae* presenta una alta especificidad por columbiformes y carece de importancia zoonótica, su elevada frecuencia debe interpretarse principalmente desde una perspectiva ecológica y de salud de las poblaciones de aves (Valkiūnas et al., 2022).

Las diferencias observadas entre Arauca y Aguazul en la ocurrencia de enteroparásitos podrían reflejar condiciones ecológicas locales. En Arauca, donde la economía regional está fuertemente asociada a sistemas ganaderos extensivos, es posible que la interacción entre ambientes periurbanos y rurales facilite la circulación de formas infectivas de helmintos, ya que las palomas pueden desplazarse entre zonas urbanas, corrales, áreas abiertas y sitios de acumulación de materia orgánica donde los huevos de nemátodos pueden persistir en el suelo. En contraste, Aguazul es reconocido como el principal productor de arroz en Colombia (Federación Nacional de Arroceros, 2023), actividad que implica el uso intensivo de agroquímicos en los sistemas de cultivo. Diversos estudios han documentado que estos compuestos pueden generar alteraciones en la composición microbiana del suelo y en la dinámica de organismos asociados a los agroecosistemas (Chaves-Bedoya & Moreno, 2013). Aunque existe poca evidencia sobre sus efectos directos en la parasitofauna de vertebrados silvestres, es posible que la exposición ambiental a estos compuestos afecte la supervivencia de estadios infectivos de helmintos o modifique las condiciones ecológicas necesarias para su transmisión.

En ambientes urbanos cercanos a zonas agrícolas intensivas se han reportado más de un centenar de ingredientes activos utilizados como insecticidas para el control de plagas agrícolas, pertenecientes a diferentes grupos químicos y modos de acción (Sparks & Nauen, 2015). En las prácticas reportadas en el lugar de estudio, el principal insecticida es el fipronil, un compuesto que actúa sobre el sistema nervioso central de los artrópodos al interferir con los receptores del ácido γ-aminobutírico (GABA), lo que produce

hiperexcitación neuronal y finalmente la muerte del organismo expuesto. Debido a su modo de acción, el fipronil presenta una mayor toxicidad para parásitos y otros artrópodos que para sus huéspedes vertebrados, lo que explica su amplio uso en sistemas agrícolas (Xu et al., 2017). La exposición indirecta de aves silvestres podría ocurrir a través de la ingestión de insectos contaminados o por contacto con residuos del compuesto presentes en el suelo o en los cultivos. Y, si bien el fipronil no se considera tóxico para *C. livia* (Gómez-Beltrán et al., 2023), es posible que su uso afecte el ciclo de vida de los parásitos intestinales (Chiu et al., 2020; Fernández-Vargas et al., 2024). Esta interpretación debe considerarse como una hipótesis, ya que el presente estudio no evaluó variables ambientales ni cuantificó la exposición a estos compuestos. Se requieren investigaciones específicas que permitan establecer si existe una relación causal entre el uso de agroquímicos y la dinámica de los parásitos intestinales en poblaciones silvestres.

Respecto a los virus evaluados, es importante destacar que la RT-qPCR detecta RNA viral y, por tanto, evidencia infección activa, pero no exposición previa ni respuesta inmune. En consecuencia, la ausencia de detección molecular no descarta infecciones ocurridas antes del muestreo. La identificación de infecciones activas resulta particularmente compleja en virus como VIA y VNO debido a la corta duración de la viremia, la rápida degradación del RNA viral y las bajas cargas virales que suelen presentar los hospedadores (Vilibić-Čavlek et al., 2024).

Aunque varias muestras fueron clasificadas inicialmente como positivas para VNO mediante RT-qPCR con sondas TaqMan, ninguna fue confirmada mediante RT-qPCR con SYBR Green utilizando diferentes regiones del genoma viral. Estos resultados indican que las amplificaciones iniciales correspondieron a falsos positivos y resaltan la importancia de confirmar resultados obtenidos con valores de Ct cercanos al límite de detección. La interpretación de amplificaciones tardías requiere especial cautela, dado que pueden obedecer a amplificaciones inespecíficas o ruido de fondo, situación previamente documentada para diferentes plataformas de diagnóstico molecular (Papin et al., 2004; Lanciotti et al., 2001). En este contexto, el análisis de curvas de disociación mediante SYBR Green constituye una estrategia útil y de bajo costo para verificar la especificidad de los amplicones obtenidos mediante sistemas basados en sondas de hidrólisis.

Diversos estudios experimentales han demostrado que *C. livia* puede desarrollar viremias transitorias por VNO sin manifestar signos clínicos evidentes, aunque con lesiones histopatológicas como miocarditis (Komar et al., 2003; Spedicato et al., 2016). Asimismo, se ha documentado la infección natural por virus H5N1 en palomas, asociada con diarrea, signos neurológicos y lesiones sistémicas (Mansour et al., 2014). Sin embargo, la evidencia disponible indica que las palomas generalmente actúan como hospedadores con una contribución limitada a la transmisión local del VNO, aunque pueden ser útiles como especies centinela en programas de vigilancia epidemiológica (Komar et al., 2001; Cano-Terriza et al., 2015).

Finalmente, las condiciones climáticas también podrían influir en el establecimiento del VNO. Temperaturas elevadas y periodos de baja precipitación favorecen tanto el desarrollo del mosquito vector como la replicación viral (Danforth et al., 2016; Lorenz et al., 2022). Bajo este escenario, las condiciones térmicas de Bogotá podrían limitar la circulación del virus, mientras que Arauca y Aguazul presentan características ambientales potencialmente más favorables para su transmisión. No obstante, la ausencia de detección molecular en este estudio indica que, durante el periodo de muestreo y en las poblaciones evaluadas, no se encontró evidencia de infección activa por VNO.

Conclusiones

Los resultados de este estudio muestran que las poblaciones urbanas de *Columba livia* de Bogotá y Arauca presentan una alta frecuencia de enteroparásitos, mientras que en Aguazul no se detectaron infecciones gastrointestinales en los individuos analizados. Este contraste sugiere la existencia de factores ambientales o ecológicos locales que podrían influir en la transmisión de estos parásitos y que ameritan ser evaluados en estudios posteriores.

Asimismo, se confirma la elevada frecuencia de *Haemoproteus columbae* en las tres localidades

estudiadas, lo que reafirma su amplia distribución y asociación con poblaciones urbanas de *C. livia* en Colombia.

No se obtuvo evidencia de infección activa por el virus de la influenza aviar (VIA) ni por el virus del Nilo Occidental (VNO) en las muestras analizadas. Sin embargo, dado que las pruebas moleculares detectan RNA viral y no la respuesta inmunológica del hospedero, estos resultados no permiten descartar exposiciones previas a dichos virus.

La discrepancia entre los resultados obtenidos mediante RT-qPCR con sondas TaqMan y su posterior verificación mediante RT-qPCR con SYBR Green pone de manifiesto la importancia de confirmar las amplificaciones con valores de Ct cercanos al límite de detección, con el fin de reducir la probabilidad de interpretar falsos positivos como infecciones verdaderas.

Futuros estudios deberían ampliar el muestreo a otras regiones biogeográficas de Colombia que abarquen un mayor gradiente altitudinal y climático, incorporar metodologías específicas para la detección de *Cryptosporidium* y complementar los análisis moleculares con pruebas serológicas que permitan establecer la exposición previa de *C. livia* al VIA y al VNO.

Finalmente, la amplia distribución, elevada abundancia y estrecha asociación de *C. livia* con ambientes urbanos, así como su interacción potencial con otras especies de aves, respaldan su utilidad como especie de interés para programas de vigilancia epidemiológica orientados al monitoreo de patógenos de importancia para la salud animal y pública.

Contribución de los autores

Nubia E. Matta: Conceptualización; Metodología; Investigación; Análisis formal; Adquisición de financiación; Administración del proyecto; Supervisión; Validación; Redacción – borrador original; Redacción – revisión y edición. Andrés Felipe Aponte-Gutiérrez: Conceptualización; Metodología; Investigación; Análisis formal; Adquisición de financiación; Validación; Visualización; Redacción – borrador original; Redacción – revisión y edición. Jesús Alfredo Berdugo: Conceptualización; Investigación; Análisis formal; Adquisición de financiación; Redacción – revisión y edición. Angie D. González G.: Conceptualización; Metodología; Investigación; Análisis formal; Adquisición de financiación; Redacción – revisión y edición. Brayan Andrés Gamboa-Suárez: Investigación; Análisis formal; Visualización; Redacción – revisión y edición. Lina Marcela Pérez Arenas: Investigación; Análisis formal; Administración del proyecto; Visualización; Redacción – borrador original; Redacción – revisión y edición. Felipe Andrés Gaitán Albarracín: Análisis formal; Redacción – revisión y edición. Lady Johana Correa Higuera: Conceptualización; Adquisición de financiación; Redacción – revisión y edición.

Referencias

Abdel-Gaber, R., Quraishy, S. A., Al-Hoshani, N., Al-Shaebi, E. M., Mohammed, O. B., Marey, A., & Dkhil, M. (2023). Observations of the coccidian infection, *Eimeria labbeana*-like, in experimentally infected domestic pigeons (*Columba livia domestica*) associated with pathological effects. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, 75*(6), 1127–1135. https://doi.org/10.1590/1678-4162-13110

Barbosa-Brugés, P. A., Acero-Plazas, V. M., & Arenas, N. E. (2021). Presencia de *Escherichia coli* con resistencia extendida a los antibióticos en paloma doméstica (*Columba livia*) en una localidad de Bogotá, Colombia. *Revista de Ciencias Agropecuarias, 26*(2), 21–30. https://doi.org/10.36436/24223484.312

Berto, B. P., & Lopes, C. W. G. (2020). Coccidia of wild birds as ecological biomarkers: Some approaches on parasite-host-environment interaction. *The Journal of Parasitology, 106*(5), 707–713. https://doi.org/10.1645/19-148

Blagodatski, A., Trutneva, K., Glazova, O., Mityaeva, O., Shevkova, L., Kegeles, E., Onyanov, N., Fede, K., Maznina, A., Khavina, E., Yeo, S.-J., Park, H., & Volchkov, P. (2021). Avian influenza in wild birds and poultry: Dissemination pathways, monitoring methods, and virus ecology. *Pathogens, 10*(5),

Article 630. https://doi.org/10.3390/pathogens10050630

Cano-Terriza, D., Guerra, R., Lecollinet, S., Cerdà-Cuéllar, M., Cabezón, O., Almería, S., & García-Bocanegra, I. (2015). Epidemiological survey of zoonotic pathogens in feral pigeons (*Columba livia* var. *domestica*) and sympatric zoo species in southern Spain. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases, 43*, 22–27. https://doi.org/10.1016/j.cimid.2015.10.003

Cárdenas Parra, A. K., Barón Vera, J. P., Calixto-Botía, I. F., Matta, N. E., Rodríguez-Fandiño, O. A., & Correa-Higuera, L. J. (2025). A broad wildlife survey of influenza A virus in the Orinoco flooded savannas from Colombia: New reports and perspectives. *Animals, 15*(15), Article 2201. https://doi.org/10.3390/ani15152201

Cepeda, A. S., Lotta-Arévalo, I. A., Pinto-Osorio, D. F., Macías-Zacipa, J., Valkiūnas, G., Barato, P., & Matta, N. E. (2019). Experimental characterization of the complete life cycle of *Haemoproteus columbae*, with a description of a natural host-parasite system used to study this infection. *International Journal for Parasitology, 49*(12), 975–984. https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2019.07.003

Chagas, C. R. F., Guimarães, L. de O., Monteiro, E. F., Valkiūnas, G., Katayama, M. V., Santos, S. V., Guida, F. J. V., Simões, R. F., & Kirchgatter, K. (2016). Hemosporidian parasites of free-living birds in the São Paulo Zoo, Brazil. *Parasitology Research, 115*(4), 1443–1452. https://doi.org/10.1007/s00436-015-4878-0

Chaves-Bedoya, G., Ortiz-Moreno, M. L., & Ortiz-Rojas, L. Y. (2013). Efecto de la aplicación de agroquímicos en un cultivo de arroz sobre los microorganismos del suelo. *Acta Agronómica, 62*(1), 66–72.

Chiu, K., Warner, G., Nowak, R. A., Flaws, J. A., & Mei, W. (2020). The impact of environmental chemicals on the gut microbiome. *Toxicological Sciences, 176*(2), 253–284. https://doi.org/10.1093/toxsci/kfaa065

Chomel, B. B. (2009). Zoonoses. En *Encyclopedia of Microbiology* (pp. 820–829). https://doi.org/10.1016/B978-012373944-5.00213-3

Ciuoderis, K. A. (2025). Avian influenza in Colombia: A One Health perspective on surveillance, intervention, and policy integration. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias, 38*(4). https://doi.org/10.17533/udea.rccp.e357741

Coral, A. A., Valkiūnas, G., González, A. D., & Matta, N. E. (2015). *In vitro* development of *Haemoproteus columbae* (Haemosporida: Haemoproteidae), with perspectives for genomic studies of avian haemosporidian parasites. *Experimental Parasitology, 157*, 163–169. https://doi.org/10.1016/j.exppara.2015.08.003

Danforth, M. E., Reisen, W. K., & Barker, C. M. (2016). The impact of cycling temperature on the transmission of West Nile virus. *Journal of Medical Entomology, 53*(3), 681–686. https://doi.org/10.1093/jme/tjw013

De Marco, M. A., Delogu, M., & Cotti, C. (2023). Special issue "Ecology of influenza A viruses". *Microorganisms, 11*(5), Article 1287. https://doi.org/10.3390/microorganisms11051287

Federación Nacional de Arroceros. (2023). *Boletín quinto censo nacional de arroceros 2023: Segunda entrega*. https://www.dane.gov.co/files/operaciones/CNA/bol-5toCNA-2daEntrega-2023.pdf

Fernández-Vargas, K. D., Sierra-Gaviria, E., Arias-Hoyos, A., & Fernández-Morantes, C. (2024). Agroquímicos y foto-Fenton: Una revisión sistemática de los impactos socioambientales y parámetros óptimos de remoción de contaminantes. *Revista Novedades Colombianas, 19*, 9–24. https://doi.org/10.47374/novcol.2024.v19.2422

Gibbs, S. E. J., Hoffman, D. M., Stark, L. M., Marlenee, N. L., Blitvich, B. J., Beaty, B. J., & Stallknecht, D. E. (2005). Persistence of antibodies to West Nile virus in naturally infected Gonzalez-Rock pigeons (*Columba livia*). *Clinical and Diagnostic Laboratory Immunology, 12*(5), 665–667. https://doi.org/10.1128/CDLI.12.5.665-667.2005

Góez-Rivillas, Y., Taborda, N., Díaz, F. J., Góngora, A., Rodas, J. D., Ruiz-Sáenz, J., & Osorio, J. E. (2010). Antibodies to West Nile virus in equines of Antioquia and Meta, Colombia, 2005–2008. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias, 23*(4), 462–470.

Gómez-Beltrán, D. A., Montes, J. E. P., & Villar, D. (2023). Impacto ecológico del insecticida fipronil: Valoración de riesgos en humanos. *Revista de la Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, 70*(1), 65–84. https://doi.org/10.15446/rfmvz.v70n1.100631

González-Acuña, D., Silva, G. F., Moreno, S. L., Cerda, L. F., Donoso, E. S., Cabello, C. J., & López, M. J. (2007). Detección de algunos agentes zoonóticos en la paloma doméstica (*Columba livia*) en la ciudad de Chillán, Chile. *Revista Chilena de Infectología, 24*(3), 199–203. https://doi.org/10.4067/S0716-10182007000300004

Haag-Wackernagel, D., & Moch, H. (2004). Health hazards posed by feral pigeons. *Journal of Infection, 48*(4), 307–313. https://doi.org/10.1016/j.jinf.2003.11.001

He, X., Fang, X.-M., Qiao, Y. T., Su, J. L., Tang, S. Q., Weng, Y. B., & Lin, R. Q. (2024). Molecular identification and biological characterization of *Eimeria columbarum* from domestic pigeons (*Columba livia domestica*) in Guangdong, China. *Veterinary Quarterly, 44*(1), 1–11. https://doi.org/10.1080/01652176.2024.2412297

Heidecke, J., Lavarello-Schettini, A., & Rocklöv, J. (2023). West Nile virus eco-epidemiology and climate change. *PLOS Climate, 2*(5), Article e0000129. https://doi.org/10.1371/journal.pclm.0000129

Hofmannová, L., Romeo, C., Štohanzlová, L., Jirsová, D., Mazzamuto, M. V., Wauters, L. A., Ferrari, N., & Modrý, D. (2016). Diversity and host specificity of coccidia (Apicomplexa: Eimeriidae) in native and introduced squirrel species. *European Journal of Protistology, 56*, 1–14. https://doi.org/10.1016/j.ejop.2016.04.008

Instituto Colombiano Agropecuario. (2025). *Influenza aviar*. https://www.ica.gov.co/getdoc/9cde2d77-673f-4225-9990-d67593ab4f36/influenza-aviar.aspx

Jiménez-Bluhm, P., Karlsson, E. A., Ciuoderis, K. A., Cortez, V., Marvin, S. A., Hamilton-West, C., Schultz-Cherry, S., & Osorio, J. E. (2016). Avian H11 influenza virus isolated from domestic poultry in a Colombian live animal market. *Emerging Microbes & Infections, 5*(1), 1–9. https://doi.org/10.1038/emi.2016.121

Joyner, L. P., & Long, P. L. (1974). The specific characters of the *Eimeria*, with special reference to the coccidia of the fowl. *Avian Pathology, 3*(3), 145–157. https://doi.org/10.1080/03079457409353827

Komar, N., Panella, N., Burns, J., Dusza, S., Mascarenhas, T., & Talbot, T. (2001). Serologic evidence for West Nile virus infection in birds in the New York City vicinity during an outbreak in 1999. *Emerging Infectious Diseases, 7*(4), 621–625. https://doi.org/10.3201/eid0704.017415

Komar, N., Langevin, S., Hinten, S., Nemeth, N., Edwards, E., Hettler, D., Davis, B., Bowen, R., & Bunning, M. (2003). Experimental infection of North American birds with the New York 1999 strain of West Nile virus. *Emerging Infectious Diseases, 9*(3), 311–322. https://doi.org/10.3201/eid0903.020628

Kozdruń, W., Czekaj, H., & Styś, N. (2015). Avian zoonoses: A review. *Journal of Veterinary Research, 59*(2), 171–178. https://doi.org/10.1515/bvip-2015-0026

LaDeau, S. L., Kilpatrick, A. M., & Marra, P. P. (2007). West Nile virus emergence and large-scale declines of North American bird populations. *Nature, 447*(7145), 710–713. https://doi.org/10.1038/nature05829

Lanciotti, R. S., & Kerst, A. J. (2001). Nucleic acid sequence-based amplification assays for rapid detection of West Nile and St. Louis encephalitis viruses. *Journal of Clinical Microbiology, 39*(12), 4506–4513. https://doi.org/10.1128/JCM.39.12.4506-4513.2001

Liang, Y., & Dai, X. (2024). The global incidence and trends of three common flavivirus infections

(dengue, yellow fever, and Zika) from 2011 to 2021. *Frontiers in Microbiology, 15*, Article 1458166. https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1458166

Lorenz, C., de Azevedo, T. S., & Chiaravalloti-Neto, F. (2022). Impact of climate change on West Nile virus distribution in South America. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene, 116*(11), 1043–1053. https://doi.org/10.1093/trstmh/trac044

Mansour, S. M. G., ElBakrey, R. M., Ali, H., Knudsen, D. E. B., & Eid, A. A. M. (2014). Natural infection with highly pathogenic avian influenza virus H5N1 in domestic pigeons (*Columba livia*) in Egypt. *Avian Pathology, 43*(4), 319–324. https://doi.org/10.1080/03079457.2014.926002

Martínez-Ramírez, J. L., Piña Parra, J. A., & Wilches Galindo, L. S. (2021). *Identificación de Cryptosporidium spp. en heces de paloma* (*Columba livia*) *en puntos críticos de concentración poblacional de palomas en la ciudad de Bogotá, Colombia* [Trabajo de grado, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca]. Repositorio Institucional Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. https://repositorio.universidadmayor.edu.co/handle/unicolmayor/4753

Matta, N. E., & Rodríguez, O. A. (2001). Hemoparásitos aviares (*Avian haematozoa*). *Acta Biológica Colombiana, 6*(1), 27–34. https://revistas.unal.edu.co/index.php/actabiol/article/view/63464

Matta, N. E., Gaitán-Albarracín, F. A., Fuentes-Rodríguez, G. A., Rodríguez-Fandiño, Ó. A., Calixto-Botía, I. F., & Correa-Higuera, L. J. (2025). Survey of West Nile virus infection in wildlife species in the Orinoquia region of Colombia. *Frontiers in Microbiology, 16*, Article 1548538. https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1548538

Mattar, S., Edwards, E., Laguado, J., González, M., Alvarez, J., & Komar, N. (2005). West Nile virus antibodies in Colombian horses. *Emerging Infectious Diseases, 11*(9), 1497–1498. https://doi.org/10.3201/eid1109.050426

Meneses-Cardona, A. M. (2025). *Control de la influenza aviar en Colombia y su importancia en la salud pública* [Trabajo de grado, Universidad Cooperativa de Colombia]. https://repository.ucc.edu.co/server/api/core/bitstreams/242db43a-5c1d-46fa-bac9-cf1c3c5b6c30/content

Mesa-Pineda, C., Navarro-Ruiz, J. L., López-Osorio, S., Chaparro-Gutiérrez, J. J., & Gómez-Osorio, L. M. (2021). Chicken coccidiosis: From the parasite lifecycle to control of the disease. *Frontiers in Veterinary Science, 8*, Article 787653. https://doi.org/10.3389/fvets.2021.787653

Invasive Species Specialist Group. (2025). *Global Invasive Species Database: Species profile: Columba livia*. https://www.iucngisd.org/gisd/species.php?sc=1052

Nebel, C., Harl, J., Pajot, A., Weissenböck, H., Amar, A., & Sumasgutner, P. (2020). High prevalence and genetic diversity of *Haemoproteus columbae* (Haemosporida: Haemoproteidae) in feral pigeons (*Columba livia*) in Cape Town, South Africa. *Parasitology Research, 119*(2), 447–463. https://doi.org/10.1007/s00436-019-06558-6

Norton, C. C., & Chard, M. J. (1983). The oocyst sporulation time of *Eimeria* species from the fowl. *Parasitology, 86*(2), 193–198. https://doi.org/10.1017/S0031182000050368

Osorio, J. E., Ciuoderis, K. A., Lopera, J. G., Piedrahita, L. D., Murphy, D., LeVasseur, J., Carrillo, L., Ocampo, M. C., & Hofmeister, E. (2012). Characterization of West Nile viruses isolated from captive American flamingoes (*Phoenicopterus ruber*) in Medellín, Colombia. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene, 87*(3), 565–572. https://doi.org/10.4269/ajtmh.2012.11-0655

Papin, J. F., Vahrson, W., & Dittmer, D. P. (2004). SYBR Green-based real-time quantitative PCR assay for detection of West Nile virus circumvents false-negative results due to strain variability. *Journal of Clinical Microbiology, 42*(4), 1511–1518. https://doi.org/10.1128/JCM.42.4.1511-1518.2004

Parsani, H., Momin, R., Lateef, A., & Shah, N. (2014). Gastrointestinal helminths of pigeons (*Columba livia*) in Gujarat, India. *Egyptian Journal of Biology, 16*, 63–67. https://doi.org/10.4314/ejb.v16i1.9

Pérez-García, J., Monsalve-Arcila, D., & Márquez-Villegas, C. (2015). Presencia de parásitos y enterobacterias en palomas ferales (*Columba livia*) en áreas urbanas de Envigado, Colombia. *Revista Facultad Nacional de Salud Pública, 33*(3), 370–376. https://doi.org/10.17533/udea.rfnsp.v33n3a06

Ramos, B. A., Chiang, J. O., Martins, L. C., Chagas, L. L., Silva, F. A. E., Ferreira, M. S., Freitas, M. N. O., Alcantara, B. N., Silva, S. P., Miranda, S. A., Sepulveda, B. A., Corrêa, L. T. G., Negrão, A. M. G., Vasconcelos, P. F. C., & Casseb, A. R. (2017). Clinical and serological tests for arboviruses in free-living domestic pigeons (*Columba livia*). *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz, 112*(8), 532–536. https://doi.org/10.1590/0074-02760170014

Saborido-Calderón, M. L. (2009). Daños que provocan las palomas. *Clío: History and History Teaching, 39*. https://clio.rediris.es

Spedicato, M., Carmine, I., Bellacicco, A. L., Marruchella, G., Marini, V., Pisciella, M., Di Francesco, G., Lorusso, A., Monaco, F., & Savini, G. (2016). Experimental infection of rock pigeons (*Columba livia*) with three West Nile virus lineage 1 strains isolated in Italy between 2009 and 2012. *Epidemiology and Infection, 144*(6), 1301–1311. https://doi.org/10.1017/S0950268815002642

Sparks, T. C., & Nauen, R. (2015). IRAC: Mode of action classification and insecticide resistance management. *Pesticide Biochemistry and Physiology, 121*, 122–128. https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2014.11.014

Tomori, O., & Oluwayelu, D. O. (2023). Domestic animals as potential reservoirs of zoonotic viral diseases. *Annual Review of Animal Biosciences, 11*, 33–55. https://doi.org/10.1146/annurev-animal-062922-060125

Uribe, M., & Flórez, S. (2021). *Presencia de endoparásitos y ectoparásitos con potencial zoonótico en palomas (Columba livia) de la plaza de Bolívar de la ciudad de Bogotá, Colombia* [Trabajo de grado, Universidad Antonio Nariño]. http://repositorio.uan.edu.co:8080/handle/123456789/2383

Valkiūnas, G., & Iezhova, T. A. (2022). Keys to the avian *Haemoproteus* parasites (Haemosporida, Haemoproteidae). *Malaria Journal, 21*, Article 269. https://doi.org/10.1186/s12936-022-04235-1

Vasconcelos, R., Teixeira, R., Silva, I., Lopes, E., & Maciel, W. (2018). Feral pigeons (*Columba livia*) as potential reservoirs of *Salmonella* spp. and *Escherichia coli*. *Arquivos do Instituto Biológico, 85*, e0412017. https://doi.org/10.1590/1808-1657000412017

Vázquez, A., Herrero, L., Negredo, A., Hernández, L., Sánchez-Seco, M. P., & Tenorio, A. (2016). Real-time PCR assay for detection of all known lineages of West Nile virus. *Journal of Virological Methods, 236*, 266–270. https://doi.org/10.1016/j.jviromet.2016.07.026

Velásquez, M., Flórez, A., & Jaramillo Hernández, D. (2023). Influenza aviar de alta patogenicidad y sus interfaces de salto entre aves y mamíferos: Situación actual. *Revista Sistemas de Producción Agroecológicos, 14*, 65–84. https://doi.org/10.22579/22484817.988

Vilibić-Čavlek, T., Bogdanić, M., Savić, V., Hruškar, Z., Barbić, L., Stevanović, V., Antolašić, L., Milašinčić, L., Sabadi, D., Miletić, G., Ćorić, I., Mrzljak, A., Listeš, E., & Savini, G. (2024). Diagnosis of West Nile virus infections: Evaluation of different laboratory methods. *World Journal of Virology, 13*(4), Article 95986. https://doi.org/10.5501/wjv.v13.i4.95986

Walteros-Casas, H. A., Hernández-Martínez, M., Parra, J., Góngora-Orjuela, A., Parra-Arango, J. L., & Chaparro-Gutiérrez, J. (2021). Identificación de ecto- y endoparásitos en palomas domésticas (*Columba livia*) del área urbana de Villavicencio, Meta, Colombia. *Revista MVZ Córdoba, 26*(3), Article e2157. https://doi.org/10.21897/rmvz.2157

Webster, R. G., Bean, W. J., Gorman, O. T., Chambers, T. M., & Kawaoka, Y. (1992). Evolution and ecology of influenza A viruses. *Microbiological Reviews,*

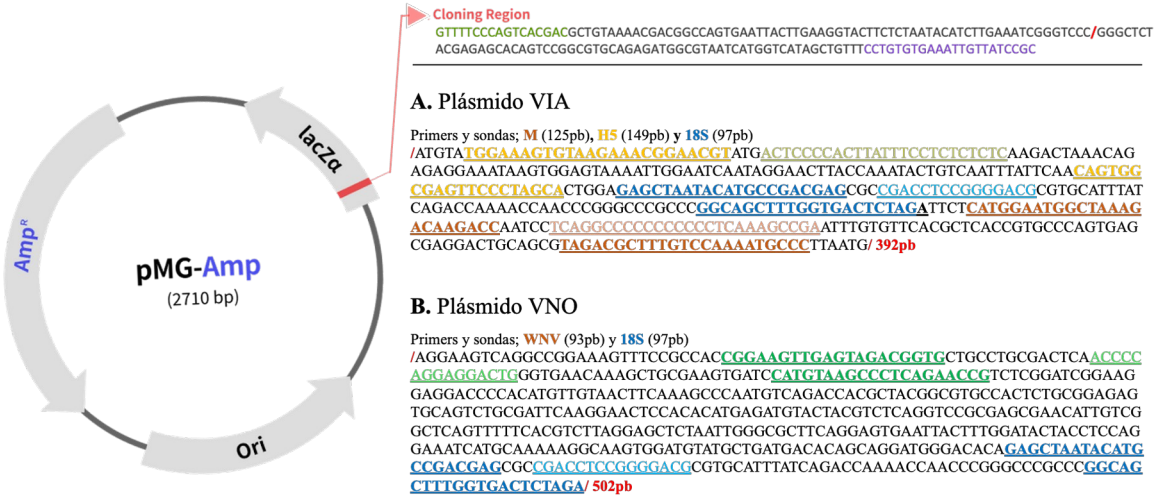
56(1), 152–179. https://doi.org/10.1128/mr.56.1.152-179.1992

Xu, H.-X., Yang, Y.-J., Liu, Y.-H., Zhang, X.-S., Tian, J.-C., Liu, F.-X., Fang, Q., & Lu, Z.-X. (2017). Sustainable management of rice insect pests by non-chemical insecticide technologies in China. *Rice Science, 24*(2), 61–72. https://doi.org/10.1016/j.rsci.2017.01.001

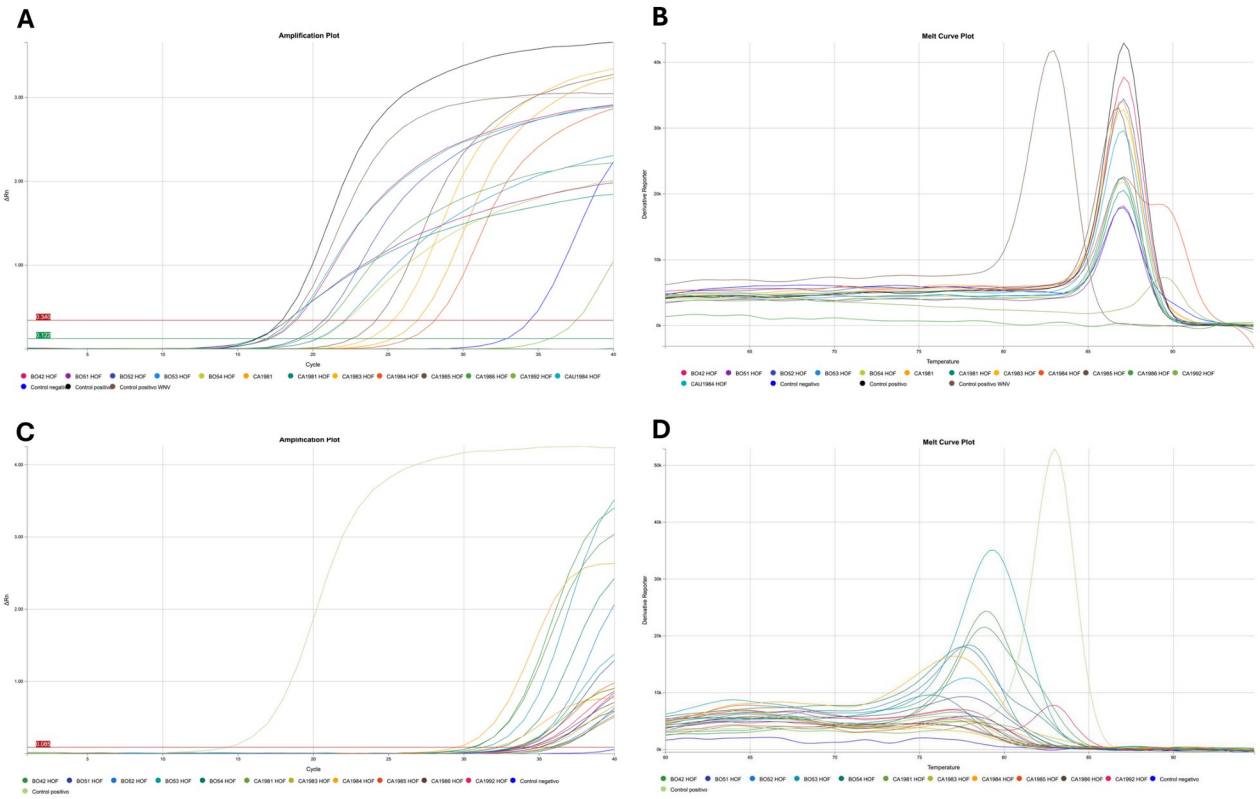
Zyrianova, I. M., & Zaripov, O. G. (2022). 18S ribosomal DNA-based PCR test for avian and mammalian DNA identification in meat products. *Veterinary and Animal Science, 15*, Article 100234. https://doi.org/10.1016/j.vas.2022.100234

Anexos

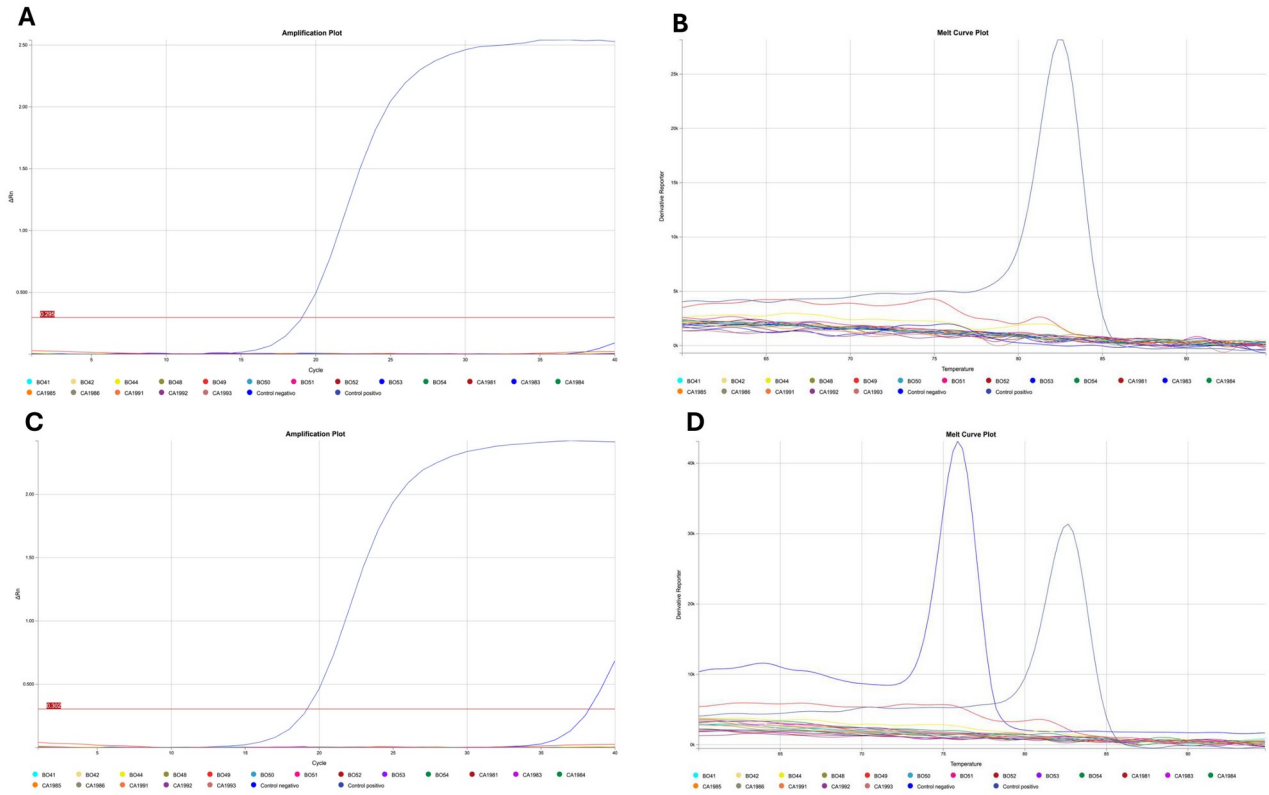
Anexo 1. Representación esquemática del vector de clonación pMG-Amp utilizado como control positivo en los ensayos de RT-qPCR. **A)** construcción plasmídica empleada para la detección del virus de la influenza aviar (VIA); **B)** construcción plasmídica empleada para la detección del virus del Nilo Occidental (VNO).



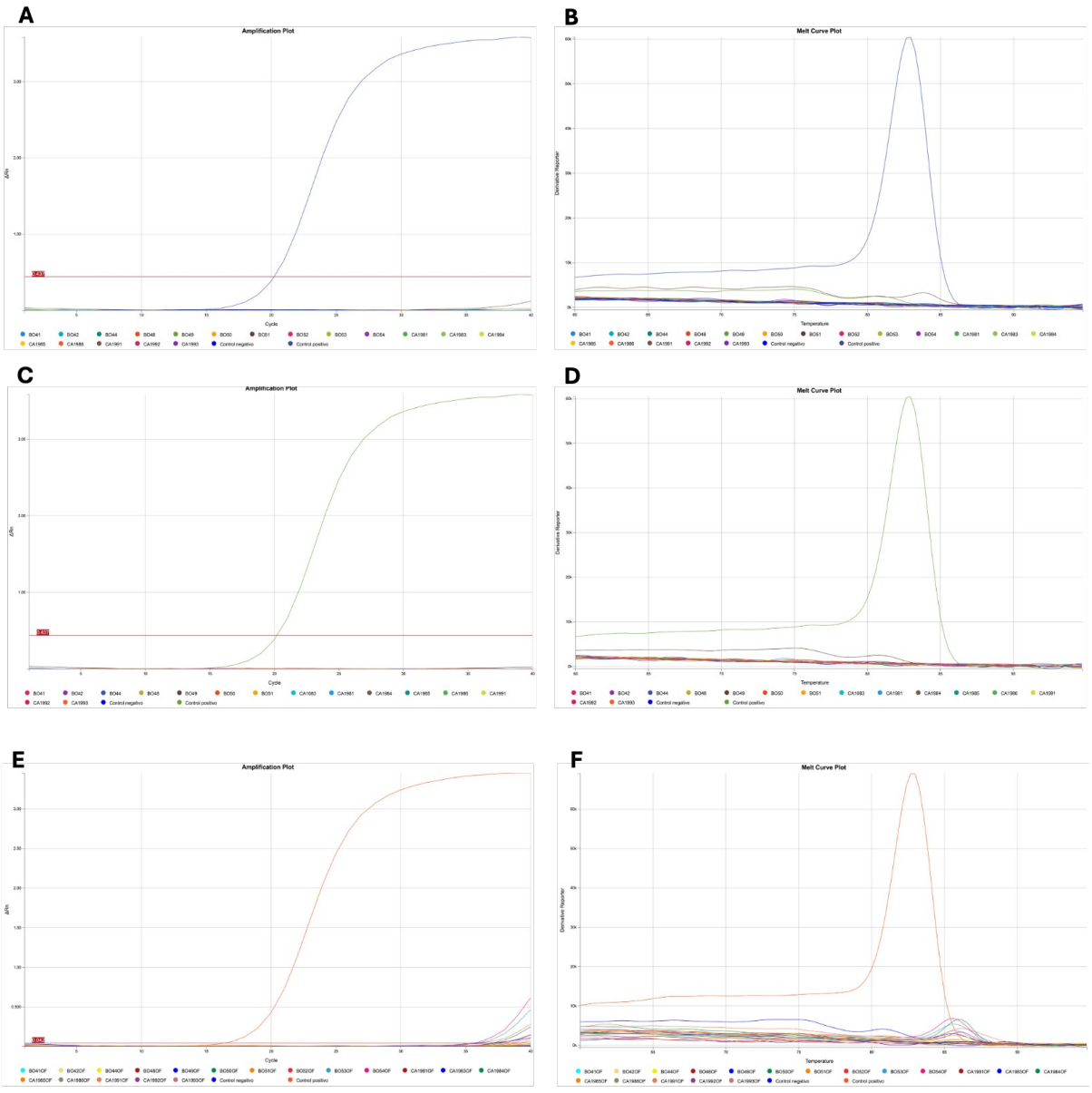
Anexo 2. Curvas de amplificación y de disociación obtenidas mediante RT-qPCR con SYBR Green para la reevaluación de muestras inicialmente reactivas para el virus del Nilo Occidental (VNO) por RT-qPCR con sondas TaqMan. **A–B)** amplificación y curvas de disociación del control endógeno 18S rRNA; **C–D)** amplificación y curvas de disociación para VNO. La ausencia de perfiles de amplificación y de curvas de disociación compatibles con el control positivo confirmó la ausencia de amplificación específica.



Anexo 3. Curvas de amplificación (A, C) y de disociación (B, D) obtenidas mediante RT-qPCR con SYBR Green utilizando cebadores alternativos dirigidos a la cápside (WNV_500_1) y la envoltura (WNV_500_3) del virus del Nilo Occidental (VNO). Las muestras inicialmente reactivas por RT-qPCR con sondas TaqMan no mostraron amplificación específica, mientras que el control positivo presentó los perfiles de amplificación y de disociación esperados.



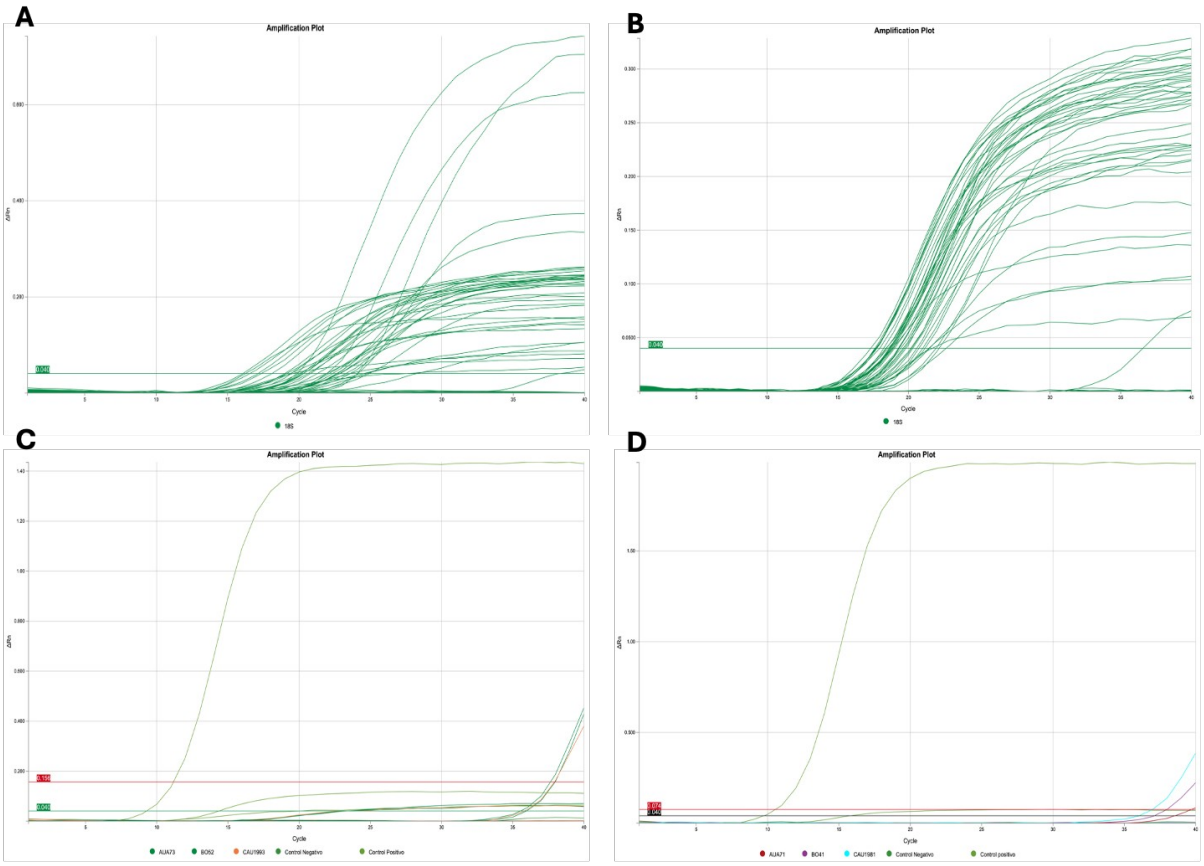
Anexo 4. Curvas de amplificación (A, C, E) y de disociación (B, D, F) obtenidas mediante RT-qPCR con SYBR Green utilizando tres pares de cebadores dirigidos a diferentes regiones del gen NS5 del virus del Nilo Occidental (VNO): región proximal (WNV_500_19), región media (WNV_500_21) y región distal (WNV_500_27). Las muestras inicialmente reactivas por RT-qPCR con sondas TaqMan no mostraron amplificación específica con ninguno de los pares de cebadores evaluados, mientras que el control positivo presentó los perfiles esperados.



Anexo 5. Valores de Ct obtenidos mediante RT-qPCR para la detección del virus de la influenza aviar (VIA) y del virus del Nilo Occidental (VNO) en muestras de *Columba livia*. NA = sin amplificación. Para VIA se consideró como criterio de positividad un valor de Ct < 37 para el gen M. Para VNO se consideró un valor de Ct < 38 en la RT-qPCR con sondas TaqMan; las muestras inicialmente reactivas fueron reevaluadas mediante RT-qPCR con SYBR Green y ninguna fue confirmada como positiva.

Localidad	Código	Hisopado orofaríngeo 18S	VIA	VNO	Hisopado cloacal 18S	VIA	VNO
Arauca	AUA 71	22,134	NA	NA	21,524	39,714	NA
Arauca	AUA 73	22,134	37,605	NA	21,524	NA	NA
Aguazul	CA 1981	19,296	NA	34,190	18,124	37,714	NA
Aguazul	CA 1983	18,488	NA	36,967	16,595	NA	NA
Aguazul	CA 1984	17,954	NA	35,467	19,640	NA	NA
Aguazul	CA 1985	18,830	NA	35,899	23,650	NA	NA
Aguazul	CA 1986	19,058	NA	37,245	27,238	NA	NA
Aguazul	CA 1991	17,662	NA	35,946	19,441	NA	NA
Aguazul	CA 1992	17,396	NA	35,617	21,951	NA	NA
Aguazul	CA 1993	23,315	37,568	35,531	21,251	NA	NA
Bogotá	BO 41	17,769	NA	34,832	20,321	38,000	NA
Bogotá	BO 42	17,766	NA	33,972	19,035	NA	NA
Bogotá	BO 44	24,103	NA	34,474	23,598	NA	NA
Bogotá	BO 48	18,696	NA	34,684	22,684	NA	35,908
Bogotá	BO 49	19,645	NA	33,003	19,154	NA	34,159
Bogotá	BO 50	19,519	NA	33,561	22,851	NA	33,881
Bogotá	BO 51	19,349	NA	33,579	24,119	NA	34,422
Bogotá	BO 52	18,318	37,329	34,100	19,888	NA	NA
Bogotá	BO 53	21,956	NA	36,017	22,029	NA	NA
Bogotá	BO 54	19,814	NA	35,573	24,097	NA	NA
Control positivo	—	20,568	10,937	21,715	20,826	11,362	22,321
Control negativo	—	NA	NA	NA	NA	NA	NA

Anexo 6. Amplificación en escala lineal para la detección del virus de influenza aviar (VIA). **A–B)** amplificación del control endógeno 18S rRNA en hisopados orofaríngeos y cloacales, respectivamente; **C–D)** amplificación del gen M en hisopados orofaríngeos y cloacales. Las muestras con amplificación tardía (Ct > 37) no cumplieron el criterio de positividad establecido.



Anexo 7. Curvas de amplificación obtenidas mediante RT-qPCR con sondas TaqMan para la detección del virus del Nilo Occidental (VNO). **A)** hisopados orofaríngeos de Bogotá; **B)** hisopados orofaríngeos de Aguazul; **C)** hisopados cloacales de Bogotá.

