

Caracterización serológica y molecular de la infección por el Virus de la Hepatitis B y Virus de la Hepatitis Delta en población indígena de Colombia

Melissa Montoya¹, Jaime Martínez², Diana Castro³,
Carlos Rojas², María Cristina Navas^{1,4}

RESUMEN

La Organización Mundial de la Salud estima 296 millones de personas con infección crónica por el virus de la hepatitis B (VHB) y 820,000 muertes al año relacionadas con esta infección. El patrón de prevalencia de la infección por VHB en Latinoamérica es heterogéneo, con regiones de alta prevalencia como la Cuenca Amazónica. Aunque en Colombia se cuenta con el programa universal de vacunación, en las comunidades indígenas continúa siendo un problema de salud pública debido probablemente a factores geográficos, socioeconómicos y culturales. Además, la infección por el virus de la hepatitis delta (VHD) es frecuente en poblaciones con alta prevalencia de hepatitis B.

Este estudio tiene como objetivo caracterizar marcadores serológicos y moleculares de la infección por VHB y/o VHD en comunidades indígenas de Amazonas, Guaviare, Antioquia y La Guajira. El tamaño de muestra es de 67 casos de hepatitis B notificados en el periodo 2016-2021 y 134 controles de la comunidad indígena correspondiente (HBsAg negativos por prueba rápida, pareados por sexo y edad). El proyecto fue aprobado por el comité de ética de la Facultad Nacional de Salud Pública de la Universidad de Antioquia.

¹ Grupo Gastrohepatología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Grupo Epidemiología, Facultad Nacional de Salud Pública, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

³ Grupo de Estudio en Pedagogía, Infancia y Desarrollo Humano, Facultad de Educación, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

⁴ Autor de correspondencia: maria.navas@udea.edu.co Grupo de Gastrohepatología, Sede de Investigación Universitaria (SIU), Universidad de Antioquia, UdeA, Carrera 53 # 61-30, Laboratorio 434, Torre 2, Medellín, Colombia. 2196573.

* Proyecto Financiado por COLCIENCIAS, 777-2017 Convocatoria para proyectos de Ciencia, Tecnología e Innovación en salud.

El diagnóstico de Hepatitis B se confirma con detección de los marcadores HBsAg y anti-HBc (IgM y total) por la técnica de ELISA. Las muestras con marcadores de infección por VHB se analizan para los marcadores de Hepatitis Delta (anti-HDAg Total). El genoma viral de VHB y VHD se amplificará previa extracción del ADN y ARN a partir de las muestras de suero, respectivamente. Los amplicones correspondientes a las regiones S (422-758nt), preS1 (2440-58nt) y preS2 (3006-213nt) del genoma de VHB y región que codifica para HDAg (887-1290nt) del genoma de VHD de las muestras del estudio serán secuenciados con el fin de caracterizar los genotipos virales circulantes e identificar variantes de escape (3,4).

Hasta el momento se han reclutado 64 casos y 122 controles. La mayoría de los casos son de sexo femenino (79,69%) y la edad promedio es de 34,45 años. Se han analizado para marcadores serológicos 46 casos, de los cuales el 60,87% (28/46) son positivos para HBsAg y el 67,39% (31/46) son positivos para Anti-HBc Total. En las muestras analizadas se identificaron un caso de infección aguda (HBsAg+/Anti-HBc IgM+), 27 casos de infección crónica (HBsAg+/Anti-HBc IgM-/Anti-HBc total+) y tres casos con resolución clínica (HBsAg-/Anti-HBc total+/ADN VHB-). Adicionalmente, el 28,26% (13/46) presentaron un nivel sérico de ALT y/o AST elevado (\bar{x} =66,58 y \bar{x} =58,93 UI/ml, respectivamente), de las cuales 2/13 son positivas para HBeAg y 9/13 son positivas para Anti-HBe. De las muestras del grupo control se han analizado 90, de las cuales el 23,33% (21/90) son positiva para Anti-HBc Total. El genoma del VHB (región S) se amplificó en 3/21 muestras lo que podría corresponder a casos de infección oculta.

El genoma de VHB (ORF S) se detectó en 18/60 muestras de los casos y en 17/60 también se detectó el genoma de VHD (HDAg), lo cual indica una tasa de co/superinfección del 28,33%. El análisis filogenético de las secuencias de VHB y VHD permitió la caracterización en 5 muestras del genotipo F de VHB, subgenotipos F1b y F3, y en 7 muestras los genotipos I y III de VHD.

Estos resultados preliminares muestran que las infecciones por VHB y VHD siguen siendo un problema de salud pública en las comunidades indígenas de Colombia. El predominio del genotipo F de VHB y del genotipo III de VHD coincide con estudios previos

realizados en población colombiana. Es de anotar que también se describe la circulación del genotipo I de VHD en el país.

Palabras clave: Hepatitis B; Hepatitis Delta; Indígena;.

Key Words: Hepatitis B; Hepatitis Delta; Indigenous;

REFERENCIAS

1. WHO. Hepatitis B [Internet]. WHO; 2019 jul. (World Health Organization Fact Sheet 2018). Disponible en: <https://www.who.int/en/news-room/fact-sheets/detail/hepatitis-b>
2. World Health Organization. Hepatitis D [Internet]. 2019 jul. (Fact Sheets). Disponible en: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/hepatitis-d>
3. Jaramillo CM, de La Hoz F, Porras A, di Filippo D, Choconta-Piraquive LA, Payares E, et al. Characterization of hepatitis B virus in Amerindian children and mothers from Amazonas State, Colombia. *PLoS One*. 2017;12(10):e0181643.
4. di Filippo Villa D, Cortes-Mancera F, Payares E, Montes N, de la Hoz F, Arbelaez MP, et al. Hepatitis D virus and hepatitis B virus infection in Amerindian communities of the Amazonas state, Colombia. *Virol J*. diciembre de 2015;12(1):172.