

9. Caracterización genotípica del Virus de la Hepatitis C en pacientes con antecedente transfusional antes de 1996 en Colombia

María Camila López-Osorio¹, José Usme-Ciro², María Cristina Navas¹

INTRODUCCIÓN

El virus de la hepatitis C (VHC), es agente etiológico de hepatitis aguda y de hepatitis crónica que puede evolucionar a cirrosis y/o carcinoma hepatocelular. La Organización Mundial de la Salud (OMS), estima 71 millones de personas con hepatitis C y una mortalidad de 400.000 casos al año. El Sistema de Vigilancia en Salud Pública (SIVIGILA) y el Instituto Nacional de Salud (INS) notificaron un total de 589 casos de hepatitis C en 2017 y una incidencia de 1,2 casos/100.000 habitantes.

PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

En Colombia se desconoce la prevalencia de infección en la población ya que se considera que los datos disponibles presentan un subregistro importante debido a problemas de notificación, por el perfil asintomático en la mayoría de casos y por limitaciones en el acceso al sistema de salud en algunas poblaciones colombianas. El Observatorio Polaris estima una prevalencia de anti-VHC entre 380.000 y 400.000 casos de infección por VHC en el país y una prevalencia de casos con viremia de 325.600. Se espera que un alto porcentaje de los casos estimados por el observatorio, correspondan a individuos con historia de trasfusión de sangre antes de 1996, puesto que estudios realizados demuestran que este es el principal factor de riesgo en población colombiana.

El VHC se caracteriza por tener una alta tasa de mutación que le otorga una variabilidad genética representada en siete genotipos y 67 subgenotipos. Esto se traduce en problemas para el desarrollo de vacuna y

tratamientos antivirales exitosos; por esto es importante identificar los genotipos circulantes y la evolución del virus en una población.

OBJETIVO GENERAL

Determinar la diversidad genética y la dinámica evolutiva del VHC en población colombiana con antecedente transfusional antes de 1996.

METODOLOGÍA

Pacientes con antecedente transfusional antes de 1996 que no tengan diagnóstico previo de hepatitis C. Una muestra de sangre se analizará para la detección de anticuerpos totales anti-VHC. En las muestras positivas para anticuerpos, previa síntesis del cDNA, se amplificará la región 5' UTR (251 pb) para determinar la presencia del genoma viral. La identificación de genotipos y subgenotipos se realizará por amplificación y secuenciación de las regiones que aportan mayor información de la diversidad genética como E2-P7-NS2 y NS5B. Las secuencias obtenidas serán analizadas para la construcción de un árbol filogenético usando el programa MEGA y ClustalW, adicionalmente se estimará el tiempo de divergencia, la dinámica de diseminación y la evolución adaptativa.

AVANCES DEL PROYECTO

Teniendo en cuenta que es necesario hacer una búsqueda activa de casos con antecedente transfusional antes de 1996, se avanza en la fase de sensibilización de la población en la ciudad de Medellín. Para esta fase contamos con el apoyo de la oficina de comunicaciones de la Facultad de Medicina de la Universidad de Antioquia, a través de campañas de educación por redes sociales y medios de comunicación, boletín de prensa, la creación de un canal de atención y afiches para los hospitales.

RESULTADOS ESPERADOS

Este estudio permitirá determinar la prevalencia de infección por VHC en población expuesta a hemoderivados antes de 1996, conocer la diversidad genética circulante en la población y hacer análisis en la dinámica evolutiva, siendo importantes para evaluar el peso de la enfermedad y el impacto en salud en Colombia.

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

² Facultad de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, sede Santa Marta

Correspondencia: María Camila López Osorio; camilalopezosorio@gmail.com

Financiación: Colciencias, convocatoria 777-2017