

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.