

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.