



13 al 15 de noviembre de 2025

ÁREA TEMÁTICA: Hepatitis.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.205.160>

ACV-2025-049

Mutaciones preexistentes en el dominio transcriptasa de la polimerasa del virus de hepatitis B en muestras de comunidades indígenas de Suramérica

PIMIENTA-DE ARMAS NORIS¹, JARAMILLO-HERRERA MARIANA²,
NAVAS MARIA-CRISTINA³, CORTÉS-MANCERA FABIÁN¹

¹ Grupo de Investigación e Innovación Biomédica GI2B, Facultad de Ciencias Exactas y Aplicadas, Instituto Tecnológico Metropolitano, Medellín (Colombia).

² Programa de Ingeniería Biomédica, Facultad de Ciencias Exactas y Aplicadas, Instituto Tecnológico Metropolitano, Medellín (Colombia).

³ Grupo de Gastrohepatología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

Correspondencia: Fabián Cortés-Mancera. fabiancortes@itm.edu.co

RESUMEN

Introducción: La infección por el virus de la hepatitis B (VHB) es prevalente en poblaciones indígenas de América del Sur, especialmente en comunidades que habitan la cuenca del Amazonas. El VHB se caracteriza por la alta variabilidad genética debido a la falta de actividad de correctora 5'-3' de la polimerasa viral (HBpol). Las condiciones socioculturales, geográficas y económicas de los pueblos indígenas se consideran limitaciones y obstáculos importantes para el diagnóstico y tratamiento de los casos de infección por VHB; por lo tanto, la vigilancia de las mutaciones preeistentes de resistencia antiviral puede contribuir en las directrices de salud pública orientadas en control de la hepatitis B en estas poblaciones vulnerables.

Métodos: Secuencias de VHB caracterizadas en población indígena de América del Sur se extrajeron del repositorio GenBank (NCBI). Una vez alineadas las secuencias de nucleótidos (Muscle, MEGA X), se dedujeron las secuencias de aminoácidos de acuerdo con el marco de lectura de HBpol. Las secuencias se limitaron al dominio que codifica la transcriptasa inversa de HBpol. Luego, se revisaron 40 posiciones con respecto a secuencias prototípicas del VHB.

Resultados: El análisis de 60 secuencias del VHB, correspondientes a estudios en comunidades indígenas de Venezuela, Brasil, Argentina y Colombia, permitió establecer que la mayoría pertenecían al genotipo F, seguido de los genotipos A y C. Al alinear las secuencias de aminoácidos deducidas del dominio transcriptasa inversa de HBpol, se identificaron 19 mutaciones de ocurrencia natural, algunas de ellas directamente asociadas con la resistencia a la terapia antiviral con Adefovir y Lamivudina.

Conclusiones: Se justifica un análisis adicional y más amplio para estimar el impacto de estas mutaciones de VHB en la historia natural y el tratamiento de casos de infección en pueblos originarias de América del Sur.

Palabras clave: VHB, polimerasa, resistencia antiviral, indígenas.