



ÁREA TEMÁTICA: Evolución viral.

<https://dx.doi.org/10.14482/sun.01.918.619>

ACV-2025-135

Análisis filodinámico y filogeográfico del virus de la hepatitis C en usuarios de drogas injectables 1998 - 2023

MARÍA C. LÓPEZ-OSORIO¹, ANDRÉS CARDONA², MANUELA ARISTIZÁBAL VALENCIA²,
SANTIAGO ALVAREZ-CARDENAS¹, DIANA DI FILIPPO¹, DEDSY BERBESI-FERNÁNDEZ³,
GONZALO BARRETO⁴, MARÍA-CRISTINA NAVAS¹

¹ Grupo Gastrohepatología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín (Colombia).

² Laboratorio Genómico One Health, Universidad Nacional, Medellín (Colombia).

³ Facultad de Enfermería, Universidad CES, Medellín (Colombia).

⁴ Subdirección Estratégica y de Análisis, Ministerio de Justicia y del Derecho, Gobierno de Colombia.

Correspondencia: María-Cristina Navas. maria.navas@udea.edu.co

RESUMEN

Introducción: Los usuarios de drogas inyectables (PID) son una población importante en la epidemiología de la infección por el virus de la Hepatitis C (VHC) a nivel global. En el marco de la política integral “Ruta Futuro” del Ministerio de Justicia y del Derecho en 2021 se realizó un tamizaje de infección por VHC en PID en Armenia y en Cúcuta (Colombia). Esta investigación permitió la caracterización de 45 secuencias de VHC. El objetivo de este estudio es el análisis filodinámico y filogeográfico de las secuencias de VHC caracterizadas en esta población de PID y secuencias de VHC aisladas desde 1998 a nivel global, con el fin de estudiar los períodos de mayor diversidad genética y cómo ha sido la circulación de este virus en América.

Métodos: Se realizó una búsqueda en Genbank de secuencias de VHC aisladas en PID, y se obtuvieron alrededor de 1128 secuencias de diferentes países del mundo; se logró un tamaño representativo de 106 secuencias. Las secuencias fueron alineadas usando MAFFT v.7. Los análisis filodinámicos y filogeográficos se realizaron con Beast v10.5.0 con 200 millones de generaciones y un modelo de reloj relajado y GTR+G+I. Adicionalmente, para los análisis filodinámicos y filogeográficos se usaron los modelos de Skygrid y Constant Size, respectivamente.

Resultados: Los resultados parciales muestran que la diversidad genética y el tamaño poblacional del VHC eran altos desde el 2000 hasta 2010; a partir de este año se observa una disminución hasta 2020, año en que se evidencia nuevamente un incremento. Los análisis filogeográficos muestran que las secuencias de VHC aisladas en Colombia son provenientes de Canadá; además se logra evidenciar una circulación constante de cepas de VHC entre estos dos países a lo largo del tiempo.

Conclusiones: El genotipo 1 subgenotipo 1a de VHC es el más prevalente en esta población, lo que concuerda con lo reportado en otros estudios.

Palabras clave: virus de la hepatitis C, filodinámica, filogeografía, PID, diversidad genética, circulación, tamaño poblacional.