



## XXII Comunicaciones Científicas y Tecnológicas

Orden Poster: CE-061 (ID: 277)

**Autor:** Escobar, Hector Raul

**Título:** Prevalencia del Virus de la Hepatitis B y circulación de genotipos en población universitaria del Nordeste de Argentina

Director:

Palabras clave: HBV,HBsAg,GOT,GPT,FAL

Área de Beca: Cs. Naturales Y Exactas

Tipo Beca: Iniciacion Tipo A

Periodo: 01/03/2015 al 01/03/2018

Lugar de trabajo: Imr - Instituto De Medicina Regional

Proyecto: (11A000) Beca con Linea Prioritaria

### **Resumen:**

El virus de la hepatitis B (HBV) presenta amplia distribución en todo el mundo, estimándose en más de 500 millones de infectados. Este agente etiológico es un virus ADN cubierto que pertenece a la familia Hepadnaviridae. El virión es una partícula esférica de 42 nm, que presenta envoltura y un centro que constituye la nucleocápside, el cual contiene el material genómico de ADN parcialmente bicatenario y una polimerasa relacionada. La envoltura está constituida por una proteína principal, que es el antígeno de superficie (HBsAg), y otras dos de menor importancia inmunológica. Otros componentes del centro viral o core son el antígeno del core (HBcAg) y el antígeno e (HBeAg). Su transmisión se produce por vía sexual (principalmente), vertical y parenteral, presentando un periodo de incubación extenso de 1-4 meses.

En cuanto al diagnóstico es posible detectar serológicamente el HBsAg en todos los estadios activos y en el estado asintomático de "portador". La hepatitis aguda se confirma con la detección del anti HBc del tipo Ig M, además de acompañarse de los rasgos clínicos característicos. En la forma crónica se puede detectar HBsAg (persistente) y ADN de HBV. Los marcadores serológicos descritos son detectados a través de enzimoinmunoensayos y el ADN viral por distintos formatos de técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR)6-8.

La biología molecular ha permitido la secuenciación del genoma determinando la existencia de ocho genotipos, designados de la A-H 9,10.

Argentina está considerada como un país con endemidad baja (menor al 2% de prevalencia)1,2. Sin embargo, la distribución de casos no es homogénea, siendo mayor en centros urbanos que en zonas menos pobladas. Está descrito, además, un pico de infección entre los 20 y 35 años, asociado principalmente con relaciones sexuales no protegidas1.

El objetivo de este trabajo fue determinar la prevalencia de HBV en la población de estudio, el desarrollo y puesta a punto de la metodología reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para amplificación del fragmento genómico del HBV a secuenciar, caracterizar genéticamente los genotipos encontrados mediante un análisis de secuenciación genómica y filogenia, relacionar los hallazgos virológicos con la información clínica y epidemiológica recolectada y por ultimo elevar a las autoridades sanitarias la información obtenida, a fin de promover conductas que favorezcan la prevención de la infección y la implementación de programas de control y difusión.

### **-MATERIALES Y MÉTODOS:**

Se analizó la presencia del HBsAg mediante técnica de ELISA y perfil enzimático (GOT, GPT y FAL) en 190 muestras de suero o plasma de estudiantes universitarios de ambos sexos de las facultades de Ingeniería, FACENA, Facultad de Ciencias Veterinarias, Facultad de Abogacía y Facultad de Odontología que asistieron al Laboratorio de la Cátedra de Inmunología Clínica, Área de Microbiología (FACENA), en el periodo 2015 hasta el día de la fecha.

### **RESULTADOS, DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES:**

Dado a que la hepatitis B es una infección con potenciales complicaciones y dificultades en su tratamiento, se considera importante poder llegar a conocer su prevalencia en la población analizada a fin de poder caracterizar genéticamente los genotipos encontrados en aquellas muestras que resulten reactivas.

De las 190 muestras analizadas hasta el momento, el 70 % aproximadamente correspondieron al sexo femenino, el promedio de edad fue 27 años (entre 22 y 55 años) y en el momento de la toma de muestra ninguno de los alumnos participantes manifestó alguna sintomatología hepática o gastrointestinal. El perfil enzimático promedio fue el siguiente: GOT 17 U/L (11-23 U/L), GPT 17 U/L (9-25 U/L) y FAL 126 U/L (91-161 U/L). Del total de muestras analizadas, una sola de ellas resultó "Reactiva" para el HBsAg, lo que representa el 0.52 %. A esta última además se le realizó la determinación de anticuerpos anti-core total, resultando "Reactiva" para la misma.

La prevalencia de la infección por hepatitis B hasta el momento en este trabajo fue 0,52 %, lo cual coincide con la prevalencia a nivel país e incluso de América Latina, que es considerada como una endemidad baja y menor al 2 %21. Las concentraciones de las enzimas GOT y GPT se observaron dentro del rango normal, en cambio se detectaron niveles elevados de FAL en algunos estudiantes 22, lo cual podría relacionarse a otras patologías no analizadas en este estudio 23. Si bien, hasta el momento se analizó un importante número de muestras, el estudio requiere aumentar la cohorte a fin de obtener resultados estadísticamente más representativos de la población analizada. En etapas

posteriores, se procederá a la tipificación de la muestra reactiva a fin de determinar el genotipo circulante encontrado y relacionar el mismo con la información clínica y epidemiológica a fin de promover conductas en la población analizada que favorezcan la prevención de la infección y la implementación de programas