

22 Genotipos virales en pacientes con infección por el virus de la hepatitis C (VHC) en Medellín

Andrés Yepes¹, Carolina Álvarez², Juan Carlos Restrepo³, Gonzalo Correa³, Juan Carlos Zapata⁴, Ana Arango⁴

PALABRAS CLAVE

GENOTIPO
HEPATITIS C

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS

La infección con VHC es la causa más común de hepatitis viral crónica en EE.UU (1). En nuestra ciudad no se ha realizado ninguna evaluación de las características genotípicas del VHC. Nuestro propósito fue describir los genotipos en un grupo de pacientes con infección por VHC en Medellín y determinar su relación con algunas variables epidemiológicas.

METODOLOGÍA

Se realizó un estudio descriptivo prospectivo de 40 pacientes con anti-VHC positivos diagnosticados por ELISA II o RIBA III. El ARN del VHC se extrajo a partir de los sueros de los pacientes. Se amplificó la región 5' no codificante (5'NCR) del genoma del VHC mediante retrotranscripción y reacción en cadena de la polimerasa (RT-PCR). El genotipo se determinó mediante la técnica de Polimorfismo en la Longitud de los Fragmentos de Restricción (RFLP).

RESULTADOS

Hombres 30 (75%), mujeres 10 (25%), con una edad promedio sin discriminar por sexos de 42.18 ± 13.48 años. Heterosexuales 40 (100%). Las principales condiciones asociadas fueron falla renal crónica 17 (42.5%), hemofilia 7 (17.5%), trasplante renal 7 (17.5%), ninguna 8 (20%) e infección por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) 1 (2.5%). La distribución de los genotipos VHC fue así: para el genotipo 1a, 24 pacientes (60%), para el 1b, 14 pacientes (35%) y para el 2, 2 pacientes (5%). El principal modo de transmisión fue a través de hemoderivados (3) y fue inexplicada en 4 pacientes (10%).

CONCLUSIONES

El Genotipo predominante fue el 1 y subtipo 1a. El principal modo de transmisión probablemente fue la transfusión de hemoderivados. El genotipo más prevalente es el de menor respuesta al tratamiento con Interferón.

BIBLIOGRAFÍA

1. GROSS J. Clinician's Guide to Hepatitis C. *Mayo Clin Proc* 1998; 73: 355-361.

Grupo de Gastrohepatología y Trasplante Hepático. Universidad de Antioquia y Hospital San Vicente de Paúl

¹ Departamento de Medicina Interna, HPTU

² Estudiante de Medicina, U de A

³ Grupo de Gastrohepatología y Trasplante hepático, U de A

⁴ Grupo de Virología, U de A

gastrohepato@epm.net.co

23 Hepatitis C: análisis de asociación a marcadores microsatélites que tamizan el HLA

Juan Carlos Restrepo¹, Dora Rivera², Gonzalo Correa¹, Luis Palacio², Juan Carlos Zapata³, Iliana Arboleada², Ana Arango³, Jorge Quijano¹, Mauricio Camargo², Mauricio Arcos Burgos²

PALABRAS CLAVE

HEPATITIS C
GENÉTICA
STR'S
ASOCIACIÓN
DESEQUILIBRIO
HLA
COMPLEJO MAYOR DE HISTOCOMPATIBILIDAD
INMUNOGENÉTICA
GENES MAYORES

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS

En varios trabajos se ha publicado la existencia de asociación estadística entre polimorfismos del HLA y el pronóstico de individuos seropositivos al virus de la hepatitis C (VHC) pero no existen estudios que demuestren asociación entre genes y ser infectado por VHC¹⁻². En nuestro trabajo contrastamos la hipótesis que polimorfismos en los microsatélites D6S291, D6S439, D6S1019 y D6S272 distribuidos sobre el HLA, se encuentran en desequilibrio de ligamiento con un gen mayor que predispone a ser infectado por VHC.

METODOLOGÍA

Se realizó un estudio caso-control apareando edad, sexo y estrato socioeconómico (infectados, no infectados). Se contrastaron las frecuencias alélicas, se analizaron la presencia de desviaciones de la primera y la segunda ley de Mendel y la presencia de estratificación.

RESULTADOS

Encontramos una asociación significativa entre la presencia del alelo 194 de D6S291 y el hecho de ser seropositivo a VHC ($p=0.0004$ and $pc=0.0036$). No encontramos la presencia de Desequilibrio de Ligamiento ni en casos ni en controles.

DISCUSIÓN

Debido a la localización marginal del marcador D6S291 en la región del HLA creemos que no es el HLA el sistema genético que predispone a adquirir VHC y podría tratarse de otro gen aledaño y localizado hacia el centrómero del cromosoma 6.

BIBLIOGRAFÍA

1. ZAVAGLIA C, MARTINETTI M, SILINI E, et al. Association between HLA class II alleles and protection from or susceptibility to chronic hepatitis C. *J Hepatol* 1998; 28: 1-7.
2. HOHLER T, GERKEN G, NOTGHI A, et al. MHC class II genes influence the susceptibility to chronic active hepatitis C. *J Hepatol* 1997; 27: 259-264.

Grupo de Gastrohepatología y Trasplante Hepático, Universidad de Antioquia y Hospital San Vicente de Paúl.

¹ Grupo de Gastrohepatología y Trasplante Hepático, U de A, HUSVP

² Grupo de Genética de Población, Mutacarcinogénesis y Epidemiología Genética, U de A

³ Grupo de Virología, U de A

gastrohepato@epm.net.co

