

Se seleccionaron 1.097 sueros con dato confirmado de IgM contra el virus de la hepatitis A, y de HBsAg y RIBA para el virus de la hepatitis C. Todos los sueros se sometieron a una prueba ELISA de tercera generación para detectar anticuerpos IgG e IgM contra el virus de la hepatitis E. Mediante PCR con transcripción inversa se procesaron las muestras positivas para IgG e IgM y se amplificaron fragmentos de las regiones ORF1 y ORF2 del virus de la hepatitis E; además, se hizo el análisis filogenético.

Del total de muestras, 342 fueron positivas para IgG contra el virus de la hepatitis E y 126 para IgM contra el mismo virus; 64 fueron positivas para los dos tipos de anticuerpos. Los seropositivos en general fueron el 31,2 % para IgG y el 11,5 % para IgM. La infección concomitante por virus de la hepatitis A y por el de la hepatitis E fue de 33,6 % y 16,1 % para IgG e IgM, respectivamente; por virus de la hepatitis B y virus de la hepatitis E fue de 23,4 % y 8,14 %, y por virus de la hepatitis C y virus de hepatitis E fue de 35,4 % y 5,8 %. Las 64 muestras positivas para IgG e IgM se analizaron mediante PCR con transcripción inversa para detectar el ARN viral. De las 14 muestras que han resultado positivas hasta el momento, cuatro correspondieron al genotipo 3 y fueron tomadas de pacientes procedentes de Putumayo (2), Vichada y Magdalena en los años 2006, 2007 y 2011, respectivamente, y se alinearon con la cepa HEV/SW/NL/2005-1068 de origen porcino.

En el estudio se demostró un alto porcentaje de infección concomitante por virus de la hepatitis E y otros agentes de hepatitis virales, lo que resalta la necesidad de una mayor vigilancia de este virus en el país, pues puede causar complicaciones hepáticas o sistémicas adicionales. La caracterización molecular, que confirmó la circulación del genotipo 3, resalta la importancia zoonótica de este virus en el país.

..... ✕

PE-39. Análisis bioinformático de la estructura secundaria del sitio interno de entrada al ribosoma (dominio II) de aislamientos del virus de la hepatitis C provenientes de pacientes colombianos

Luisa Fernanda Restrepo¹, Diana di Fillipo¹, Fabián Cortés-Mancera^{1,2}, María-Cristina Navas¹

¹ Grupo de Gastrohepatología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

² Grupo de Investigación e Innovación Biomédica, GI²B, Facultad de Ciencias Exactas y Aplicadas, Instituto Tecnológico Metropolitano, Medellín, Colombia

El virus de la hepatitis C tiene un genoma de ARN que presenta una estructura secundaria (2D) en la región no codificante 5', conocida como sitio interno de entrada al ribosoma (*Internal Ribosome Entry Site*, IRES); esta estructura es necesaria para la síntesis de la poliproteína viral por interacción con factores de iniciación de la traducción y del ribosoma.

En este estudio se analizó mediante bioinformática la estructura 2D del IRES (dominio II) a partir de secuencias de aislamientos del virus de la hepatitis C provenientes de pacientes colombianos sometidos a múltiples transfusiones.

Se incluyeron en el análisis secuencias de IRES del virus de la hepatitis C, subgenotipos 1a (1), 1b (5), 2b (1) y 3a (1) (GenBank: KM275478-85), caracterizadas en un estudio previo. Se hizo un alineamiento múltiple contra secuencias consenso y secuencias prototipo (GenBank: 1a-M62321, 1b-D90208, 2b-Da31606, 3a-D17763) usando el programa Clustal W (Bioedit, v. 7.2.5). La predicción y la modelación de las estructuras 2D del dominio II se hicieron con los programas VARNA 3.8 y Assemble 2.1.0.0; las energías libres de estas estructuras se calcularon con el programa RNAeval (Vienna RNA package 2.0).

El alineamiento mostró 5 sustituciones: G70A (1b), C78U (3a), G107A (1b), U113C (1b), y una inserción de adenina en la posición 75A (1b). La predicción de la estructura 2D mostró que U113C (KM275483) altera el apareamiento original de 50A=U113 ($\Delta G = -12,7$ kcal/mol); la secuencia KM275478 no presentó sustituciones ($\Delta G = -18,0$ kcal/mol).

Las sustituciones que causaron pérdida de apareamientos estuvieron directamente relacionadas con el aumento de la energía libre en la estructura 2D. Es necesario evaluar si estos cambios en la energía libre están relacionados con algún efecto en la eficiencia de la traducción del genoma viral.

..... ✕