

Epidemiología molecular de la infección por VHB y VHD en comunidades indígenas del departamento del Amazonas, Colombia

Diana Di Filippo-Villa¹, Fabián Cortés-Mancera², Fernando de la Hoz³, María C Navas¹

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

² Instituto Tecnológico Metropolitano. Medellín (Antioquia), Colombia.

³ Grupo de Epidemiología y Evaluación en Salud Pública, Universidad Nacional. Bogotá, Colombia.

Financiación: Sostenibilidad 2009-2010. Vicerectoría de Investigación, Universidad de Antioquia. Medellín (Antioquia), Colombia.

Introducción. La infección por el virus de la hepatitis B (**VHB**) y el virus de la hepatitis Delta (**VHD**) representa una importante causa de morbilidad y mortalidad en algunas regiones de Suramérica. En Colombia, casos de infección por VHD se han registrado en los departamentos de Magdalena, Choco y Amazonas, zonas consideradas históricamente de alta prevalencia para VHB. Sin embargo, son escasos los datos que se tienen en el país sobre la distribución de los genotipos de VHD y su dinámica con genotipos de VHB. **Objetivo.** Caracterizar los genotipos de VHB y VHD que circulan en comunidades indígenas del departamento del Amazonas (Colombia). **Metodología.** El trabajo de campo se llevará a cabo mediante visitas casa a casa, previamente concertadas con el dirigente (Kuraka) o el promotor de salud de la comunidad indígena. Se tamizarán 1.000 personas entre hombres y mujeres mediante la aplicación de la prueba rápida para la detección del HBsAg (*Kit Determine HBsAg*). A las personas positivas para HBsAg, se les tomará una muestra de sangre y se adicionará *buffer RNAlater* para mantener la integridad del RNA viral hasta el almacenamiento final a -70 °C. Las muestras serán analizadas para la detección de IgM Anti-Core y Anti-Core total (**VHB**) e IgM anti-HD, y anti-HD total (**VHD**). La extracción del DNA y RNA viral se realizará utilizando los *kit QIAamp DNA blood Mini (Quiagen)* y *RNApure™ Blood (Ambion)*, respectivamente. Una vez obtenido el genoma viral, se amplificará una región parcial del ORF S (203-787 nt) y el ORF delta (1302-812 nt), y se determinará el genotipo viral por secuenciamiento y análisis filogenético (métodos de Máxima parsimonia y Probabilidad bayesiana). **Resultados esperados.** Aportar datos epidemiológicos de la infección por el VHB y VHD, mediante la descripción los genotipos virales circulantes en la población analizada.