

Caracterización molecular de la infección oculta por el virus de la hepatitis B en muestras de donantes de sangre en el departamento de Antioquia, Colombia

Wilson A Ríos-Ocampo^{1, 5}; Fabián Cortes-Mancera^{1, 2}, Juan C Olarte³, Marta Ospina⁴, María C Navas¹

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

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

³ Banco de sangre, Cruz Roja Colombiana Seccional Antioquia.

⁴ Laboratorio departamental de Salud Pública. Medellín (Antioquia), Colombia.

⁵ Correo electrónico: <fredrios26@gmail.com>.

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

Introducción. La infección oculta por el virus de la hepatitis B (**IO-VHB**) se reconoce como una hepatopatía con implicaciones clínicas importantes, además del riesgo de transmisión por transfusión. Su diagnóstico se basa en la detección del genoma del virus de la hepatitis B (**VHB**) en muestras de hígado o suero de pacientes negativos para el antígeno de superficie (**HBsAg**). Estos pacientes presentan en el 80% de los casos anticuerpos contra la proteína core (**Anti-HBc**) del HBV. **Objetivos.** Establecer la frecuencia de IO-VHB en donantes de sangre con perfil serológico HBsAg(-)/Anti-HBc(+); identificar los genotipos, subgenotipos y la presencia de mutaciones en los genes S y Core del HBV en la población de estudio. **Metodología.** A partir de muestras de suero de donantes de sangre con sospecha de IO-VHB se amplificarán tres regiones conservadas del genoma viral por PCR anidada y/o semi-anidada. La identificación de genotipos, subgenotipos y mutaciones se realizará por medio de análisis filogenéticos de los genes S y Core. **Resultados preliminares.** Se recolectaron 320 muestras de suero de donantes de sangre entre enero y agosto de 2011. Para la detección del ADN viral se estandarizaron tres protocolos de PCR de las regiones: preS/S, preCore/Core y gen X y se evaluó la sensibilidad de cada uno. Al momento, se ha realizado la extracción de ADN de 100 muestras, de las cuales 60 han sido evaluadas para la detección del gen S y 30 para los otros dos marcadores, a la fecha no se han identificado casos de IO-VHB. **Conclusión.** La prevalencia de IO-VHB en donantes de sangre se estima oscila entre el 3 y 21,3%, por lo cual la identificación de casos es importante para evitar el riesgo de transmisión. Según los resultados preliminares de las muestras evaluadas se registra una frecuencia del 0% de IO-VHB en la población de estudio.