

#186 - NEXT-GENERATION SEQUENCING (NGS) DE VIRUS DE HEPATITIS B HBV CIRCULANTES EN CHILE EN POBLACIÓN MIGRANTE HAITIANA Y PACIENTES CHILENOS: IDENTIFICACIÓN DE POTENCIALES MUTANTES DE ESCAPE

<https://doi.org/10.46613/congastro2023-186>

Uribe J¹, Pino K¹, Vera J¹, Nuñez R¹, López-Lastra M¹, Fuster F², Soza A¹

¹Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile ²Hospital Gustavo Fricke, Viña del Mar, Chile

Introducción: La infección por virus hepatitis B (VHB) presenta distintos genotipos, variantes virales y mutantes de escape (ME) que pueden influir la progresión de la enfermedad y respuesta a la vacunación. La prevalencia y características moleculares del VHB en población migrante haitiana en Chile son poco conocidas.

Objetivo: Describir los genotipos específicos del VHB que infectan población migrante haitiana en Chile y compararla con aislados en población chilena usando secuenciación de genoma completo por *next-generation sequencing* (NGS).

Métodos: 32 sujetos fueron incluidos en este estudio. 8 fueron migrantes haitianos y 24 chilenos. El ADN del VHB fue secuenciado utilizando NGS, con un Phred score promedio > 32 (precisión >99.9%). Los archivos FASTQ sin procesar se clasificaron taxonómicamente utilizando Kraken2, se alinearon con BWA y se detectó variantes con LoFreq. Las variantes se registraron usando SnpEff, y los ME se identificaron usando geno2pheno. La genotipificación, sub-genotipificación y serotipificación fueron realizadas usando geno2pheno, HBVseq, y HBV Serotyper.

Resultados: Los pacientes chilenos fueron principalmente infectados por VHB genotipo F1 (23) y D4 (1). En contraste, la población haitiana migrante presentó infección por genotipo A1 (1), E (1) y F1 (3). Numerosas mutaciones fueron identificadas en preS1, preS2, S, P, X, preC y genes C, siendo algunas de ellas previamente asociadas a ME. En la determinante 'a' (codones 121-147 del gen S), la porción inmunodominante del HBsAg, 50 mutaciones fueron identificadas, presentes tanto en población haitiana como chilena (75%).

Conclusiones: Este estudio revela distintos genotipos de VHB y potenciales ME entre la población migrante haitiana y los pacientes chilenos, importante para entender las dinámicas moleculares de infección por VHB en distintas poblaciones dentro del país. Estos hallazgos sirven como insumo para políticas de salud pública y optimizar las estrategias de vacunación de los grupos marginados, como lo son los haitianos inmigrantes en Chile.

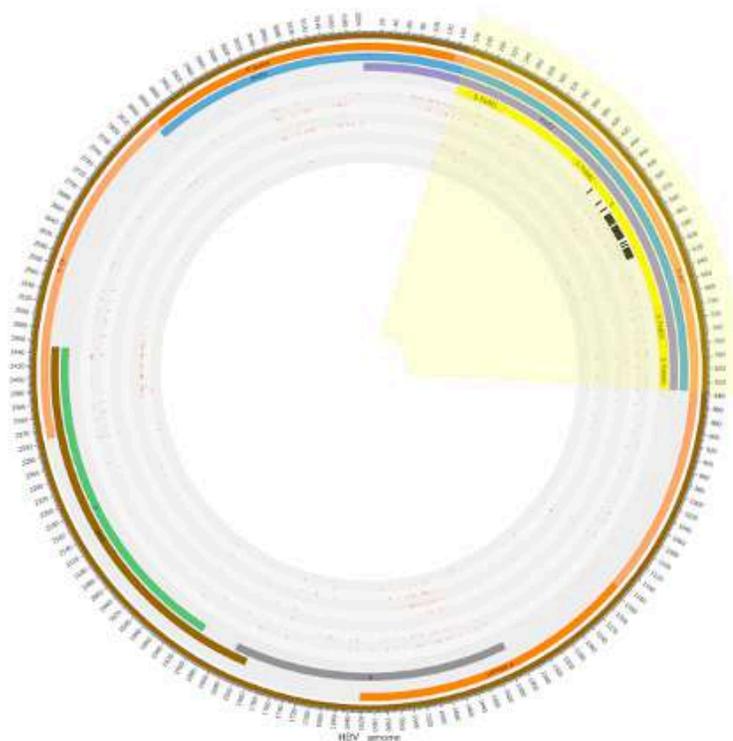


Figura 1: Variaciones encontradas en el genoma del virus Hepatitis B en muestras de individuos haitianos. Los círculos concéntricos representan, desde adentro hacia afuera, las variantes (líneas rojas) encontradas para las muestras 456, 413, 401, 357, 351, 204 y 75; los codones donde fue descrita una variante de escape (líneas negras); la anotación de las proteínas virales y su posición en el genoma. Las variaciones mostradas (líneas rojas) son una sub selección del total de variantes, con una frecuencia > 1% y excluyendo variaciones sinónimas, inserciones y deleciones. P-TP: Polimerasa dominio terminal; P-Spacer: Polimerasa dominio spacer; P-RT: Polimerasa dominio transcriptasa reversa; P-RNaseH: Actividad de ribonucleasa H; S-TMM: Sitios transmembrana 1,2,3,4 de la proteína S.