




El mapa de la hepatitis en Argentina

 16 min.



La hepatitis es una enfermedad inflamatoria que afecta al hígado. Su causa puede ser de origen infecciosa, ya sea viral, bacteriana, entre otras; inmunitaria como la hepatitis autoinmune o tóxica debida a la ingesta de alcohol o fármacos. Este informe describe el estudio realizado por investigadores de la Facultad de Farmacia y Bioquímica (FFyB) de la Universidad de Buenos Aires sobre las distintas variantes genéticas de los virus de la hepatitis en la Argentina, sus investigaciones están focalizadas en los virus de la hepatitis B y C, explicando la importancia de conocer el mapa de los distintos genotipos y subgenotipos, así como sus localizaciones y desplazamientos en el territorio argentino, ya que resulta de utilidad para prevenir las infecciones, prever el curso que desarrollará la enfermedad, seleccionar los tratamientos más apropiados, como también para el futuro desarrollo de antivirales y vacunas. La gravedad que pueda adquirir la enfermedad, y la posibilidad de responder a los tratamientos disponibles, dependen fuertemente del genotipo viral.



Por Amalia Beatriz Dellamea *
Centro de Divulgación Científica
Facultad de Farmacia y Bioquímica
Universidad de Buenos Aires



E-mail: adellamea@ffyb.uba.ar



Investigadores de la Facultad de Farmacia y Bioquímica (FFyB) de la Universidad de Buenos Aires estudian las distintas variantes genéticas del virus de la hepatitis en la Argentina. Mejor dicho, de “los virus” de la hepatitis, en tanto que estos microorganismos patógenos han constituido una familia muy prolífica en el mundo.

Focalizan sus investigaciones en los virus de la hepatitis B y C, dado que las infecciones se hacen crónicas y, en el largo plazo, representan gravísimos problemas de salud pública.

Conocer el “mapa” de los distintos genotipos y subgenotipos, así como sus localizaciones y desplazamientos en el territorio argentino, resulta de utilidad para prevenir las infecciones, prever el curso que desarrollará la enfermedad, seleccionar los tratamientos más apropiados, como también para el futuro desarrollo de antivirales y vacunas.

De hecho, los investigadores, junto con otros científicos también de la FFyB, ya desarrollaron y patentaron un antiviral que podía resultar promisorio ya que demostró in vitro eficacia para combatir al virus de la diarrea bovina, que es un “pariente” del virus de la hepatitis C.

La primera parte de este informe estará destinado al virus de la hepatitis B (VHB) y la segunda, al virus de la hepatitis C (VHC).

La hoja de ruta del virus de la Hepatitis B

Como si de un GPS (Global Positioning System) se tratara, los virólogos argentinos rastrean los distintos genotipos de los virus de la hepatitis B y C y sus diversos subtipos, por cierto numerosos, y pueden trazar un mapa cada vez más acabado de la localización de cada una de estas variantes en el territorio argentino y sus “desplazamientos”. Pero, a diferencia del GPS, que recurre a datos proporcionados por 24 satélites que orbitan a más de 20.000 km de altura, los investigadores echan mano a una variada gama de recursos epidemiológicos, genéticos, virológicos, bioquímicos y clínicos.

La Argentina ha sido definida como “un crisol” que ha entrecruzado durante su historia constitutiva poblaciones originarias con otras venidas de “allende los mares”: los conquistadores españoles que arribaron desde el Siglo XVI y, durante el periodo colonial, el traslado forzado de las poblaciones africanas esclavizadas. Más adelante, con las sucesivas corrientes migratorias europeas llegadas con la esperanza de “hacerse la América” desde 1880 a 1950; luego la migración de poblaciones procedentes de países limítrofes, en busca de mejores destinos, desde la década de 1960; y, finalmente, en las décadas de 1980 y 1990, la llegada paulatina de pobladores originarios de países asiáticos. Esto, naturalmente, se verá reflejado en la “hoja de ruta” de los virus que los acompañaron.

UN DÍA LLEGÓ
LA MÁQUINA,
PARA QUE EL HOMBRE HAGA,
LO QUE LA MÁQUINA
NO PUEDE HACER.
PENSAR EN EL PACIENTE.

—◆—
MÁS RECURSOS, MÁS HUMANOS.

Implementamos el primer sistema
de automatización de análisis de Siemens
en Argentina.

www.masrecursoshumanos.com.ar

La historia natural de los virus. “No estamos solos”

Los humanos no deambulan por el mundo en soledad, en sus equipajes se camufla una variopinta cantidad de “polizones”: diversos microorganismos, de los “buenos” y de los “malos”, entre ellos, los virus. Así es como el efecto “crisol” demográfico va a dar como resultado, también, un crisol “virósico”.

En esta nota de divulgación la atención estará centrada en las investigaciones sobre la diversidad genética del virus de la hepatitis B (VHB) en la Argentina, realizada por los miembros de la Cátedra de Virología de la Facultad de Farmacia y Bioquímica (UBA). Se estima que en el mundo unos 400 millones de personas padecen la forma crónica de la hepatitis B. Los datos epidemiológicos señalan que estos pacientes están en riesgo de desarrollar cirrosis y hepatocarcinomas, y que, anualmente, cerca de un millón de personas mueren debido a diferentes fallas hepáticas generadas por este tipo de virus.

La segunda parte de este informe abordará la problemática del virus de la hepatitis C en la Argentina.

Parecidos pero diferentes

Aun perteneciendo a la misma “familia”, los virus de la hepatitis B exhiben unas características genéticas bien diferenciales, así fueron descriptos ocho genotipos: A, B, C, D, E, F, G y H.

“Los genotipos más ‘cosmopolitas’ son los A y D, que prevalecen en Europa, África y América del Norte, y también en países mediterráneos y del cercano y el lejano Oriente. Los genotipos B y C se localizan preferentemente en países del Sudeste y el Este asiático; y el genotipo E, en el Oeste de África. Los genotipos F y H están circunscriptos a América Central y del Sur, y a América del Norte y Central, respectivamente”, describen los investigadores de Farmacia y Bioquímica en un artículo publicado en el Journal of Clinical Virology.

Para incrementar, todavía un poco más, la complejidad en el armado de este rompecabezas viral ya fueron descriptos numerosos subgrupos para cada uno de los genotipos del VHB. En el artículo referido, los científicos de la Cátedra de Virología

señalan que el genotipo A fue subdividido en 3 subgenotipos; el B, en 6; el C, en 5; el D, en 5; y el F, en 4.

Los resultados

Los datos obtenidos por los investigadores de la Cátedra de Virología muestran que en las regiones noroeste y nordeste de la Argentina prevalece, hasta en un 90 % de los casos, el genotipo F, que fue descripto como originario de las comunidades amerindias de América Central y del Sur. Esta prevalencia se debe a que la mayoría de los individuos nativos de estas regiones registran ancestros originarios. Los resultados fueron publicados en Journal of Clinical Virology y en Archives of Virology, entre otras publicaciones científicas internacionales.

En cambio, en la región metropolitana es más frecuente encontrar los genotipos A2 y D, que son mayoritariamente originarios de Europa. El genotipo F, en esta región, solo representa un 30 %. Los investigadores también hallaron el subtipo A1, cuya aparición puede deberse a las poblaciones originarias de África traídas durante el período colonial.

Los porcentajes bajos de aparición de los subgenotipos B y C, que son de origen asiático, se deben a que la introducción del virus es muchísimo más reciente, con la llegada de comunidades procedentes de ese continente, en las décadas de 1980 y 1990.

Esto refleja a las claras el impacto que han tenido las diversas corrientes migratorias en los diferentes estadios de la historia demográfica de la Argentina, señala el doctor Rodolfo Campos, profesor titular de Virología de la Facultad de Farmacia y Bioquímica de la UBA.

Trazar un mapa de la diversidad genética del virus de la hepatitis B (VHB) y que, por ser formas que se hacen crónicas dan origen, a la larga y con significativa frecuencia, a cirrosis y cánceres hepáticos, resulta de utilidad para distintos fines.

Por un lado, son datos imprescindibles para la prevención de las infecciones y la prognosis de la enfermedad, es decir la previsión de cómo evolucionará la infección y hasta cómo se estima que

responderá cada paciente.

Por otro lado, en el campo de la atención de la salud, permiten seleccionar las estrategias terapéuticas más adecuadas para cada una de las variantes del padecimiento; y en el campo académico-investigativo, para diseñar y desarrollar antivirales que intenten contrarrestar los embates de la enfermedad. Así también, para el mejoramiento de las vacunas ya existentes, para los tipos A y B del virus, y el desarrollo de nuevas.



CÓMO TRABAJAN

Los virólogos de la UBA trabajaron con muestras de sangre de pacientes con hepatitis B crónica procedentes de la región metropolitana, Ciudad Autónoma de Buenos Aires y Provincia de Buenos Aires; de la región noroeste, de las provincias de Salta y Jujuy; y de la región nordeste, de las provincias de Chaco y Formosa.

En el curso de las líneas de investigación, que desarrollan desde 1997, utilizaron un conjunto amplio de métodos consistentes en la extracción, la amplificación y la secuenciación de ADN a partir de las muestras de sangre.

“El objetivo es analizar la evolución del virus durante la infección crónica en los pacientes, para encontrar las regiones polimórficas de los genomas”, explica el doctor Rodolfo Campos, profesor titular de la Cátedra de Virología el investigador principal del CONICET.

Los genomas están constituidos por secuencias de nucleótidos. La mayoría de las posiciones que ocupan los nucleótidos en la secuencia son iguales. Pero, en algunos casos, tales posiciones varían, esto constituye una mutación y sugiere, en consecuencia, que el virus evolucionó.

“Cuando estas regiones variables son localizadas, intentamos en modelos in vitro (en este caso, mediante líneas celulares) establecer la relación entre las mutaciones observadas y el comportamiento biológico de estos virus mutantes”, explica Campos.

Los métodos que usan

- Tests de laboratorio y evaluación de las biopsias de hígado.
- Análisis de genotipos.
- Amplificación y secuenciación.
- Análisis filogenéticos.
- Análisis estadísticos.



EL VHB: UNA "CRIATURA" PELIGROSA

El virus de la hepatitis B es 100 veces más infeccioso que, incluso, el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH). Además puede sobrevivir fuera del organismo durante 7 días.

A su vez, el genoma del VHB presenta una tasa de mutación 100 veces mayor que otros virus ADN, la gran familia a la que pertenece. Dentro de esta, forma parte de los hepadnavirus.

Como consecuencia de esta variabi-

lidad genética, el virus circula como una mezcla complejísima de variantes. Y evoluciona, es decir se modifica, durante el transcurso de la infección según la presión evolutiva que ejerzan sobre él factores como la respuesta inmune que desarrolle el paciente en el intento de librarse de su presencia. También se modifica frente a los tratamientos antivirales, como estrategia para seguir sobreviviendo, y hasta llega a hacerse resistente a las drogas disponibles.

Tras las huellas del virus de la Hepatitis C

Es una auténtica pandemia mundial – Hay más de 200 millones de portadores - La hepatitis C concita la atención de numerosos equipos de investigación que tratan de identificar qué genotipos del virus provocan las infecciones en cada región - La gravedad que pueda adquirir la enfermedad, y la posibilidad de responder a los tratamientos disponibles, dependen fuertemente del genotipo viral - Investigadores de la Facultad de Farmacia y Bioquímica de la Universidad de Buenos Aires hallaron que el genotipo predominante en

las regiones argentinas analizadas es el 1b - Un dato nada alentador, por cierto - En estudios comparativos realizados con investigadores de la Universidad de Chile, encontraron que en el país trasandino la variante que predomina es también esa.

“La hepatitis C, por su gran difusión, constituye una verdadera pandemia mundial. Se calcula que unos 200 millones de personas en el mundo son portadoras del virus que la provoca”, como señala el doctor Víctor Pérez, profesor honorario de la Facultad de Medicina de la UBA, en una editorial de la Revista de la AMA (Asociación Médica Argentina).

En la República Argentina se estima que la prevalencia general del virus de hepatitis C (VHC) ronda el 2 %. Según datos de la OMS, la prevalencia en el África es del 6 %; en Canadá, del 0,34 %; en los EE.UU., del 0,6 %; en Alemania, del 0,42 % y en México, del 0,7 %.

Aunque pueda argüirse que su prevalencia no es alta, sin embargo la preo-

“La calidad no sólo es importante, para nosotros es prioritaria”.



INSTITUTO ARGENTINO DE Acreditación
ACREDITADO N.º 17/02/03



SISTEMA DE LA CALIDAD
N.º 1000-01-0002



DEPARTAMENTOS

- > Departamento de Biología Molecular
- > Departamento de Endocrinología
- > Departamento de Hematología
- > Departamento de Inmunología
- > Departamento de Metabopatías
- > Departamento de Microbiología
- > Departamento de Química Clínica
- > Departamento de Toxicología

TECNOLOGÍAS

- > Absorción Atómica
- > Citometría de flujo
- > Cromatografía gaseosa
- > Cromatografía líquida
- > Electroforesis capilar
- > Espectrometría de Masas en Tandem
- > Fish-IFI
- > ICP – Inductively Coupled Plasm

Sede Central Bahía Blanca:
San Martín 58 | Tel: +54 0291 459-9999
Sede Darwin Bahía Blanca:
Darwin 530 | +54 0291 459-9955 | laboratorios@iaca.com.ar
Sede Mar del Plata:
Móvil: 0223 15 424 9300 | mardelplata@iaca.com.ar
Sede Buenos Aires:
Moreno 1730 - 1° H | C.A.B.A.
Tel: +54 011 43710046 | Móvil: 011 15 513 22214
buenosaires@iaca.com.ar

cupación de los expertos consiste en que la enfermedad se hace crónica en un porcentaje muy alto de los casos, estimado entre un 50 y un 84 %, y produce daños hepáticos de suma gravedad.

Unos 20-30 años después de producida la infección, entre un 25 y un 30 % de personas desarrolla cirrosis. De ellas, a su vez, un porcentaje significativo tiene altas probabilidades de generar cáncer de hígado, que en la actualidad es la principal causa de trasplantes hepáticos. Así, por ejemplo, en los Estados Unidos la mitad de los trasplantes de hígado se realizan a pacientes con hepatitis C avanzada.

Actualmente se dispone de estrategias para el tratamiento de las hepatitis crónicas, pero es de vital importancia que se las diagnostique lo más tempranamente posible. El problema es que la mayoría de las personas infectadas con virus de la hepatitis C (VHC) desconocen el hecho e, incluso, padecen la enfermedad de forma asintomática. Por otra parte, el costo del tratamiento farmacológico es sensiblemente alto. Además, los pacientes requieren de seguimiento permanente, lo que implica costosas prácticas de laboratorio: función hepática, carga viral por PCR, ecografías, biopsias hepáticas. Ni que hablar del costo y los problemas asociados que representan las resecciones hepáticas o los trasplantes de hígado.

El mayor número de casos de contagio proviene de unos 20, 30 años atrás, o incluso más aún, debido a las transfusiones de sangre y sus derivados. A principios de la década de 1990 comenzó a hacerse obligatorio el estudio de los donantes de sangre para determinar si portan el virus, con lo que el contagio postransfusional es hoy prácticamente nulo.

Es notable, también, la asociación existente entre alcoholismo y hepatitis C. También es para destacar que los nuevos casos se producen, preferentemente, en drogadictos endovenosos, pacientes sometidos a diálisis renal, heterosexuales promiscuos y pacientes con SIDA.

Identikit del VHC

Se han reconocido al menos seis genotipos del virus de la hepatitis C, es decir

formas virales, a los que se identifica con números arábigos: 1, 2, 3, 4, 5 y 6.

“Además, esos seis genotipos dan origen a más de 90 subtipos del virus. Los subtipos 1a, 1b, 2a, 2b, 2c y 3a son los responsables del 90 % de las infecciones por hepatitis C en América del Norte y del Sur, Europa y Japón”, explican investigadores de la Cátedra de Virología de la Facultad de Farmacia y Bioquímica de la UBA en un artículo de la revista *Journal of Medical Virology*.

El equipo de investigadores está dirigido por el doctor Rodolfo H. Campos, profesor titular de Virología e investigador principal del CONICET. Realizaron investigaciones en la zona litoral de la Argentina, especialmente en la localidad de Wheelwright, que registra una alta prevalencia de VHC. Efectuaron, además, estudios comparativos entre la situación que presenta la infección por VHC en la Argentina y en Chile, con el objetivo de rastrear las huellas del virus de la hepatitis C de modo de tener un panorama de la situación en ambos países y parangonar los resultados con los que proceden de países vecinos, como Uruguay, Brasil y Perú.

Los resultados

Si bien, como ya se dijo, la prevalencia general del VHC en la Argentina no es alta, en diferentes pequeñas comunidades rurales se detectó una mayor presencia del virus. Así, por ejemplo, en un estudio realizado por los virólogos de la FFyB con 1.814 muestras de sangre provenientes de Wheelwright indicaron que la prevalencia más alta se registró en mayores de 50 años y, principalmente, en la franja etárea que va de los 70 a los 79 años. Este hecho hace suponer que la introducción del virus data de por lo menos 50 años atrás. El genotipo VHC-1b fue detectado en el 91 por ciento de las muestras.

Wheelwright es una pequeña ciudad del sur de la Provincia de Santa Fe, situada en la región litoral de la República Argentina, a unos 300 km de la Ciudad Autónoma de Buenos Aires. Fue fundada en 1900 y tiene una población actual aproximada de 10.000 habitantes. Sus pobladores originarios han sido mayoritariamente inmigrantes europeos.

Así también, el dato de que la prevalencia es notablemente más baja en los grupos de menor edad, hace pensar que los recaudos tomados, en especial a partir de la década de 1990, cuando se identificó el virus (Ver Recuadro 1), frenaron su expansión.

El conocimiento de los factores de riesgo permite postular que la transmisión en estas comunidades se produjo por vía iatrogénica, es decir por intervenciones quirúrgicas, transfusiones de sangre, tratamientos odontológicos, aplicación de inyectables y vacunación extrahospitalaria. Esto así, debido a que el estilo de vida y la edad de las personas lleva a considerar que los factores que predominan hoy, como el consumo de drogas de abuso y las relaciones sexuales promiscuas, no han sido las causas de la diseminación del agente patógeno.

El caso general O'Brien

En 2000, General O'Brien, un pueblo de 2.400 habitantes por entonces, situado a 30 km de Bragado, en la Provincia de Buenos Aires, recibía una amplia cobertura en el diario de mayor circulación de la Argentina.

Ocurría que la bioquímica del pueblo, Nancy Massenzio, había notado que la prevalencia de problemas hepáticos graves en su comunidad resultaba alarmante. En su preocupación, recurrió al por entonces director médico de la Unidad de Hepatología y Trasplante Hepático de la Fundación Favalaro, Federico Villamil. A partir de allí, se organizó una cruzada: de los 2.400 habitantes 1.637 concurren a realizarse los estudios pertinentes para conocer si estaban infectados con VHC.

Al trabajo epidemiológico se sumó el doctor Gastón Picchio, un virólogo del Scripps Research Institute, de La Jolla, EE.UU. En 2006, Picchio y un grupo de profesionales que participaron en el estudio publicaron los resultados obtenidos en la revista *Liver Internacional*.

Noventa y tres personas, el 5.7 % de los habitantes analizados, resultaron seropositivos para el VHC. También en este caso se halló que la prevalencia era notablemente superior en personas de 61 a 71 años (un 23%).

En concordancia con los datos obtenidos por los investigadores de Farmacia y Bioquímica de la UBA para la localidad santafesina de Wheelwright, en O'Brien se halló que en el 82 % de los casos, el genotipo de VHC era también el 1b.

Para el momento de la publicación de los resultados, ya 4 habitantes de O'Brien habían requerido de transplante de hígado debido al grado de avance de la cirrosis provocada por el VHC.

De manera similar a los demás estudios mencionados, también en O'Brien se estima que los contagios ocurrieron mayoritariamente entre 1955 y 1975, por el uso de jeringas de vidrio inadecuadamente desinfectadas. Y se sospecha que la mayor parte de las infecciones pudieron registrarse durante la época en que debió procederse contra el brote de virus Junín. Este virus provoca la fiebre hemorrágica argentina, que es endémica en la Pampa Húmeda y en el sur del Litoral.

El VHC en Chile

Respecto de los datos que los científicos de la UBA y del Hospital Universitario de la Universidad de Chile obtuvieron al analizar muestras de sangre procedentes del país trasandino, es de notar que también hallaron que el genotipo 1b del VHC fue el predominante, tanto que se lo detectó en el 82.4 % de las muestras.

Es sabido que la gravedad que adquiere la infección, así como la posibilidad de responder a las drogas disponibles y la probabilidad de desarrollar en el futuro enfermedades que comprometan gravemente al hígado es variable y depende fuertemente del genotipo del virus que la causó, como señalan los científicos en un artículo publicado en el Journal of Medical Virology.

Que hayan encontrado que el genotipo 1b es predominante no resulta, en absoluto, un dato alentador, puesto que esta variante del virus está relacionada con baja respuesta a los tratamientos y desarrollo de enfermedades hepáticas de consideración.



LA CAPTURA DEL SOSPECHOSO

La sospecha de la existencia de este agente patógeno cobró fuerza en la década de 1980. Como los datos serológicos proporcionados por los estudios bioquímicos no se correspondían ni al virus de la hepatitis A ni al de la B se le adjudicó el nombre transitorio de "Hepatitis no A no B". En 1989, en los laboratorios Chiron se logró caracterizar al sospechoso y se lo bautizó tal como se lo conoce hoy: virus de la hepatitis C (VHC). Es un virus pequeño, del tipo ARN. Perteneció a la familia Flaviviridae y al género hepacivirus. Otros miembros de esta familia son el virus causante de la fiebre amarilla y el que provoca el dengue.



INFORMACIÓN COMPLEMENTARIA
INVESTIGADORES DE FARMACIA Y
BIOQUÍMICA DE LA UBA
PATENTARON UN ANTIVIRAL
Mostró utilidad para tratar la diarrea bovina



STAMBOULIAN
LABORATORIO

PORQUE UN DIAGNÓSTICO PRECISO NECESITA RESULTADOS CONFIABLES.

Nuestro laboratorio integral está al servicio del profesional, brindando resultados confiables y asesoramiento para su interpretación, y facilitando información precisa que colabore con el diagnóstico, seguimiento y prevención de las enfermedades.

Nuestro compromiso: brindar un servicio personalizado a través de un equipo de especialistas, cumplir con los más exigentes estándares de calidad, y garantizar confiabilidad y exactitud en los resultados.

PLANTA DE PROCESAMIENTO
Av. Scalabrini Ortiz 676

DPTO. COMERCIAL LABORATORIO
4858-7061 al 63

laboratorio@stamboulían.com.ar

Centro de Atención Telefónica
5411 4515-3000

www.stamboulían.com.ar

STAMBOULIAN
PRIMERO, LA SALUD

(VDVB), que produce significativas pérdidas económicas en ganadería. También para la fiebre hemorrágica argentina, causada por el virus Junín -- Son investigadores de las cátedras de Química Orgánica III, Química Medicinal y Virología de la Facultad de Farmacia y Bioquímica de la Universidad de Buenos Aires -- Dado que estos virus guardan "parentesco" con el de la hepatitis C, se postula que el antiviral podría resultar de utilidad también para esta enfermedad, aunque se requiere todavía de estudios que lo confirmen -- El nuevo antiviral mostró in vitro una potencia ocho veces superior a la ribavirina, fármaco actualmente en uso.

Desarrollaron estructuras químicas con potente actividad antiviral. Se trata de una serie de tiosemicarbazonas (TSCs) derivadas de 1-indanonas. Las indanonas son cetonas, compuestos que tienen en su estructura un grupo carbonilo. Las TSCs son derivados sólidos característicos del grupo carbonilo presente en aldehidos y cetonas. De ese conjunto de estructuras diseñadas por los expertos de la UBA, una mostró una interesante actividad antiviral. La estructura lleva el nombre químico tiosemicarbazona de 5,6-dimetoxiindan-1-ona y es, justamente, uno de los compuestos para los que obtuvieron la patente de invención en el Instituto Nacional de la Propiedad Intelectual (INPI) de la República Argentina.

Son moléculas absolutamente sintéticas, no se encuentran en la naturaleza. Es decir que, a partir de los conocimientos básicos actuales de la Química, los investigadores "diseñan" estructuras que, desde lo ya conocido, tienen amplias posibilidades de presentar características que las hacen candidatas a convertirse en principios activos útiles.

Para desarrollar las estructuras químicas, incluida la que patentaron, los investigadores fueron cambiando el tipo de compuesto cetona de partida en el proceso de síntesis. Algunas de las estructuras obtenidas mostraron actividad también antifúngica.



EL EQUIPO DE INVESTIGACIÓN DE LA FFYB-UBA

Director: Dr. Rodolfo H. Campos, profesor titular de Virología e investigador principal

del CONICET.

Dra. Viviana Mbayed, profesora adjunta de Virología e investigadora adjunta del CONICET.

Dr. Gabriel García, investigador adjunto del CONICET.

Dr. Diego Flichman, profesor adjunto de Virología e investigador adjunto del CONICET.

Becarios doctorales del CONICET y ayudantes de primera de Virología: Andrés Culasso, Carolina Torres, Silvana Pezzano y Marcelo Golemba.

El equipo ha contado con subsidios de investigación de la UBA, el CONICET y la Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica de la República Argentina.

* Amalia B. Dellamea es comunicadora social, especializada en Periodismo y en Divulgación Científica y Tecnológica, área profesional en la que ejerce ininterrumpidamente desde hace 25 años. Es Magister en Educación Social y Animación Sociocultural con orientación en Educación para la Salud.

Programa Interinstitucional de Prevención y Educación en Salud
"Dr. Alberto Lubetkin"

Este **cambio favorable** puede deberse a la **intervención educativa instaurada** en 2003 y que perdura hasta el momento.

Prevalencia en la escuela y población

Medida	En 1997	En 2003	En 2009
%	11.1%	17.5%	21.1%
n	370	447	382

Estadística descriptiva

Año	n	Media	Varianza	DS	Min	Max
1997	370	140	60.8	24.5	123	247
2003	447	171	109.1	33.4	139	300
2009	382	197	84.6	29.1	98	330

Comparaciones

Medias	Dev. Standard	
1997 - 2003	p = 0.000	p = 0.000
2003 - 2009	p = 0.002	p = 0.027

HISTOGRAMA Datos 2009

HISTOGRAMA Datos 2003

HISTOGRAMA Datos 1997

Sex and Whisker Plot

Métodos y Muestras

El estudio descriptivo se realizó en la escuela primaria de la población de la ciudad de Jovita, en el estado de Hidalgo, México, en el año 1997. Se realizó una encuesta a los alumnos de primer grado, que tienen el nivel de primaria. La población muestra multivariada: edad, sexo, peso, altura, etc. En 2003 se realizó un estudio descriptivo en la población de la ciudad de Jovita, en el estado de Hidalgo, México, en el año 2003. Se realizó la medición de colesterol en sangre por punción del dedo en la escuela primaria. La intervención educativa se realizó en el año 2003 y se evaluó en el año 2009. La intervención educativa se realizó en el año 2003 y se evaluó en el año 2009.

Objetivo

Describir la evolución de la prevalencia de hipercolesterolemia en población escolar de nivel primario de Jovita.

Introducción

La prevalencia de factores de riesgo cardiovascular ha aumentado en los últimos años tanto en la población adulta como en la pediátrica. La hipercolesterolemia infantojuvenil es el que ha experimentado el mayor crecimiento. La escasa información epidemiológica disponible agudiza el problema.

Panorama Epidemiológico de la Hipercolesterolemia Infantil en 12 Años de Seguimiento