



Prevalencia de la mutación M184V/I y/o K65R/E/N en ADN proviral poblacional de pacientes con viremia plasmática suprimida con o sin detección previa en plasma

Lourdes Domínguez-Domínguez¹, Andrés Esteban-Cantos², Rocío Montejano², Mónica García-Álvarez¹, Natalia Stella-Ascariz², Otilia Bisbal¹, Rosa De Miguel-Buckley², David Rial-Crústelo¹, Paula Aranguren¹, José I Bernardino², Laura Bermejo¹, Eulalia Valencia², Mireia Santacreu¹, María Luisa Montes², Luz Martín-Carbonero², Rafael Delgado¹, Rafael Rubio¹, Juan González-García², Federico Pulido¹, José R Arribas²

¹Hospital Universitario 12 de Octubre - Imas12, Madrid

²Hospital Universitario La Paz - IdiPAZ, Madrid

Antecedentes: El análisis de las mutaciones de resistencia archivadas en el ADN proviral (ADNp) durante un fracaso virológico puede tener utilidad clínica para abordar estrategias de simplificación del tratamiento antirretroviral (TARV) o de reutilización de fármacos.

Objetivo: Determinar la frecuencia de detección de las mutaciones **M184V/I** y **K65R/E/N** (mutM184V/I-K65R/E/N) en ADN proviral poblacional de pacientes con replicación actual suprimida, con o sin evidencia de esas mutaciones en un genotipo histórico en plasma.



Hospital Universitario
12 de Octubre

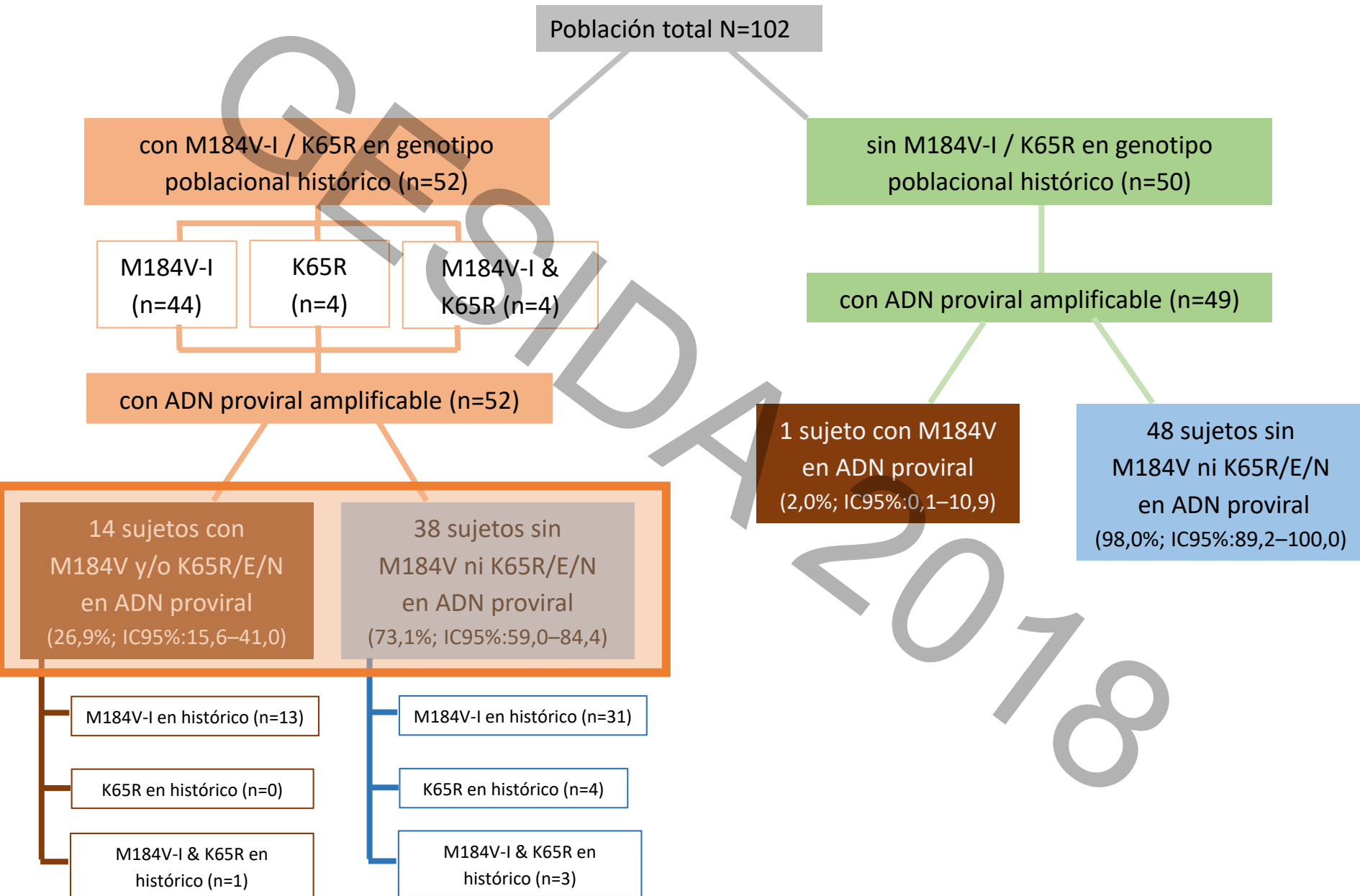
ansv
bajo
ovira
ciaci



Hospital Universitario
La Paz

GESIDA 2018

Resultados (II): Hallazgos en secuenciación poblacional Sanger de ADN proviral.



Resultados (III): Características de la población con M184V-I / K65R en genotipo poblacional histórico (N=52). B034

	Población con mutación M184V-I / K65R en ADN pro-viral poblacional (n=14)	Población sin mutación M184V-I / K65R en ADN pro-viral poblacional (n=38)	valor de p análisis univariante
Sexo: hombre, n (%)	8 (57,1)	27 (71,1)	NS
Etnia: caucásica, n (%)	13 (92,9)	33 (86,8)	NS
Edad: mediana (AIQ)	51,3 (49,1 – 58,1)	51,8 (46,6 – 57,6)	NS
Mecanismo de contagio: n (%) UDVP / HSH / HTS / vertical / desconocido	6 (42,9) / 4 (28,6) / 4 (28,6) / 0 (0,0) / 0 (0,0)	12 (31,6) / 11 (28,9) / 10 (26,3) / 0 (0,0) / 5 (13,2)	NS
Tiempo desde el diagnóstico de la infección por VIH (años): mediana (AIQ)	22,5 (17,4 – 28,0)	20,8 (17,0 – 23,0)	NS
Subtipo B: n (%)	14 (100,0)	36 (94,7)	NS
Nadir linfocitos CD4+ (/mm ³): mediana (AIQ)	123,0 (41,5 – 250,0)	155,5 (81,0 – 293,8)	NS
Categoría clínica C de los CDC (93): n (%)	6 (42,9)	12 (31,6)	NS
Tiempo desde el inicio del 1 ^{er} TARV (años): mediana (AIQ)	19,2 (16,8 – 23,9)	18,7 (16,8 – 21,2)	NS
Tiempo desde el último genotipo poblacional histórico con mutación 184V-I / K65R (meses): mediana (AIQ)	169,7 (127,4 – 187,4)	162,8 (111,2 – 175,6)	NS
Tiempo mínimo con ARN VIH indetectable desde la última determinación detectable (meses): mediana (AIQ)	108,3 (83,9 – 145,7)	107,4 (67,7 – 142,5)	NS
Concentración actual de linfocitos CD4+ (/mm ³): mediana (AIQ)	704,0 (486,4 – 901,5)	683,5 (517,1 – 887,8)	NS

Resultados (III)': Características de la población con M184V-I / K65R en genotipo poblacional histórico (N=52).

	Población con mutación M184V-I / K65R en ADN pro-viral poblacional (n=14)	Población sin mutación M184V-I / K65R en ADN pro-viral poblacional (n=38)	valor de p análisis univariante
TARV actual: n (%)			
2 ITIAN + 1 ITINAN	1 (7,1)	3 (7,9)	0,027
2 ITIAN + 1 IP	1 (7,1)	16 (42,1)	
2 ITIAN + 1 InInt	0 (0,0)	0 (0,0)	
Biterapia basada en IP	5 (35,7)	10 (26,3)	
Monoterapia IP	7 (50,0)	9 (23,7)	
TARV actual con 3TC/FTC: n (%)	3 (21,4)	21 (55,3)	0,058
Tiempo desde el inicio del TARV actual (años): mediana (AIQ)	5,4 (3,0 – 7,8)	4,0 (2,8 – 6,7)	0,278
Tiempo desde la última dosis de 3TC/FTC (meses): media (DE)	91,7 (64,6)	57,2 (71,9)	0,115

Conclusiones:

- El análisis en ADN proviral poblacional no detecta las mutM184V/I-K65R/E/N en más de la mitad de los pacientes que presentaban estas mutaciones en un genotipo poblacional histórico.
- Los pacientes en los que no se detecta la mutM184V/I-K65R/E/N en ADN proviral a pesar de presentarla en genotipo histórico tienen más frecuentemente 3TC/FTC en su TARV actual.
- Las implicaciones terapéuticas de estos hallazgos deben ser estudiadas