



HIV-1 molecular epidemiology among Latin American patients recently diagnosed in Spain reveals frequent infections with locally circulating strains

María Fernanda Osorno González de León, Elena Delgado, Sonia Benito, Mónica Sánchez, Horacio Gil, Vanessa Montero, Elena García Bodas, Miguel Thomson, Grupo Español para el Estudio de Nuevos Diagnósticos de VIH

Unidad de Biología y Variabilidad del VIH
Centro Nacional de Microbiología
Instituto de Salud Carlos III

Objetivos

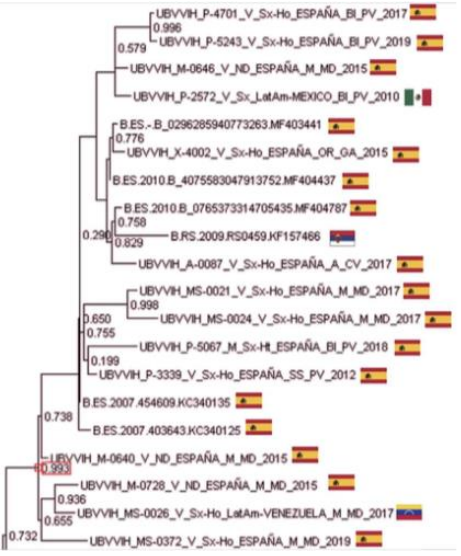
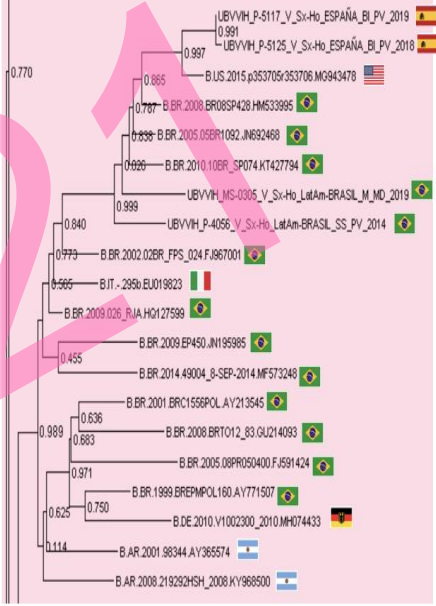
1. Características epidemiológicas de los pacientes latinoamericanos (LA) infectados por VIH-1 comparadas con las de los españoles e inmigrantes de otros países.
2. Distribución de formas genéticas de VIH-1 (subtipos y formas recombinantes circulantes y únicas).
3. Frecuencia de agrupamiento en clusters.
4. Origen geográfico más probable de las infecciones, de acuerdo con la asociación geográfica de los clusters en los que agrupan las secuencias.



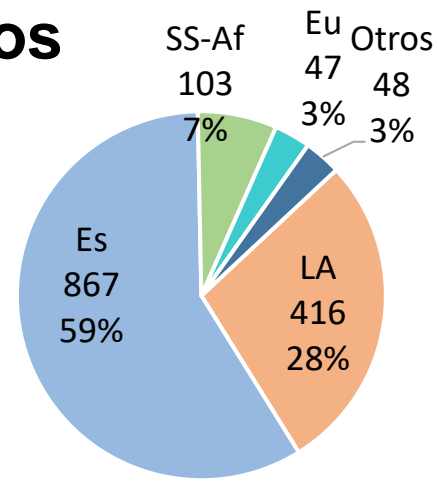
Metodología

Análisis filogenético de 209.726 secuencias de *pol* (PR-RT):

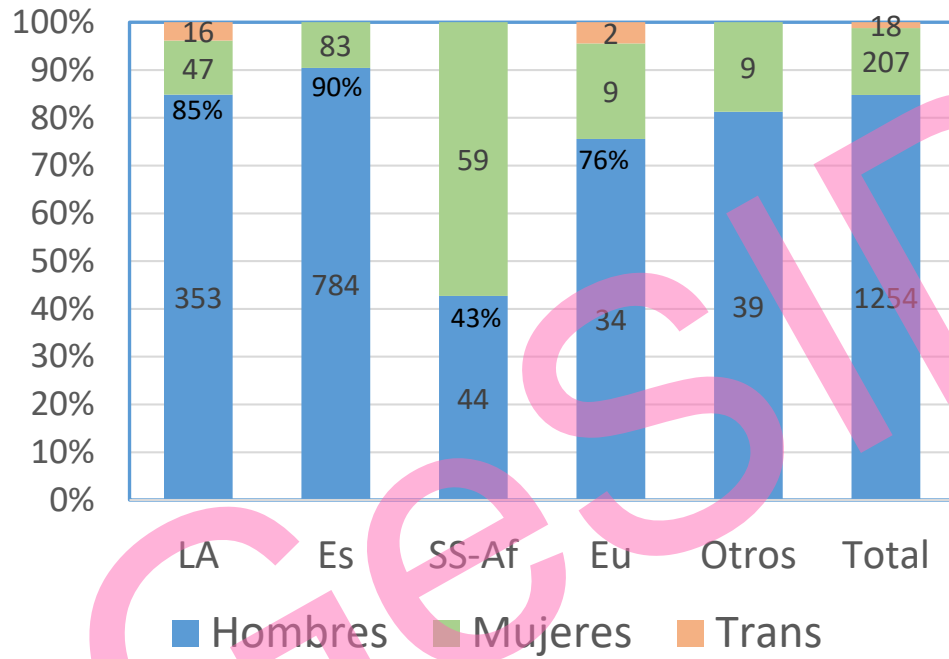
- 1.481: nuevos diagnósticos en España entre 2017-2019
- 10.521: secuencias obtenidas de España en la UBVVIH
- 197.724: secuencias de la HIV Sequence Database de Los Alamos
- Cluster → ≥ 4 pacientes en un clado con apoyo SH-like $\geq 0,95$.
- Secuencias dentro de clusters con apoyo SH-like $\geq 0,85$ fuertemente asociados a un país ($\geq 60\%$ de las secuencias de un mismo país) se consideraron relacionadas con variantes virales circulantes en ese país.



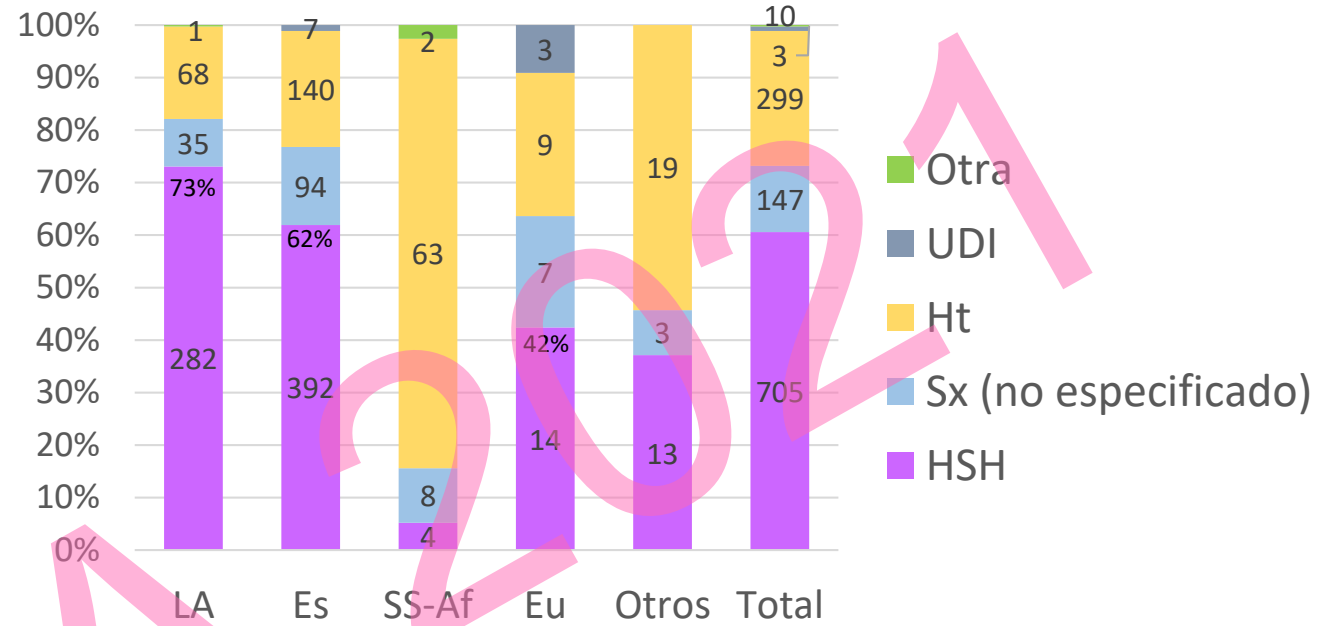
Resultados



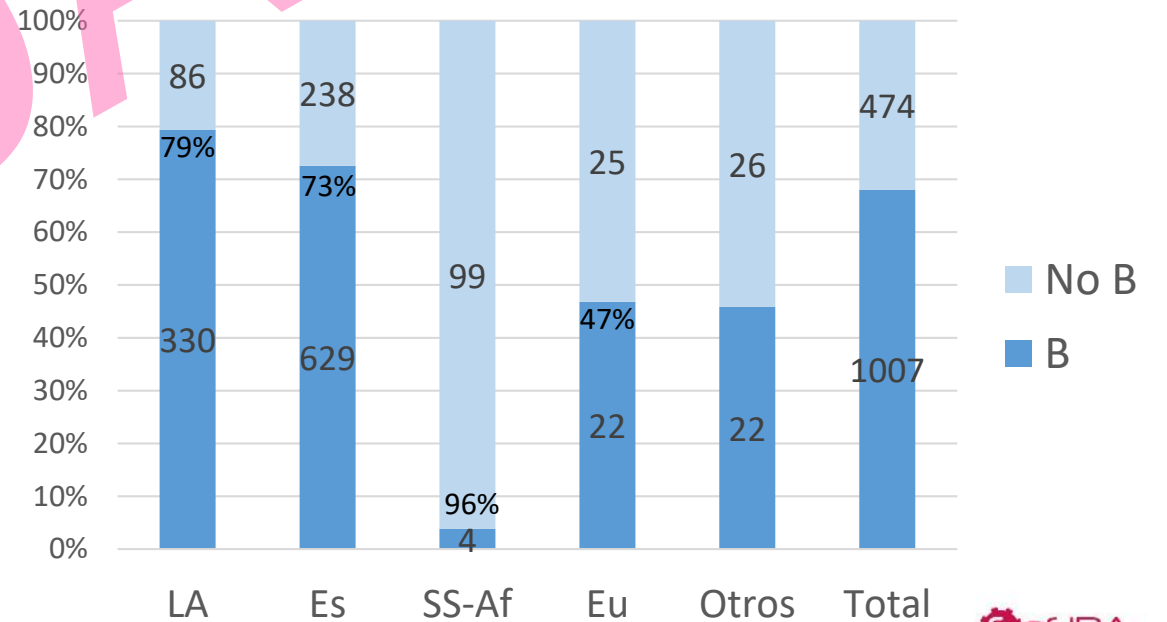
1. Origen geográfico



2. Distribución por género

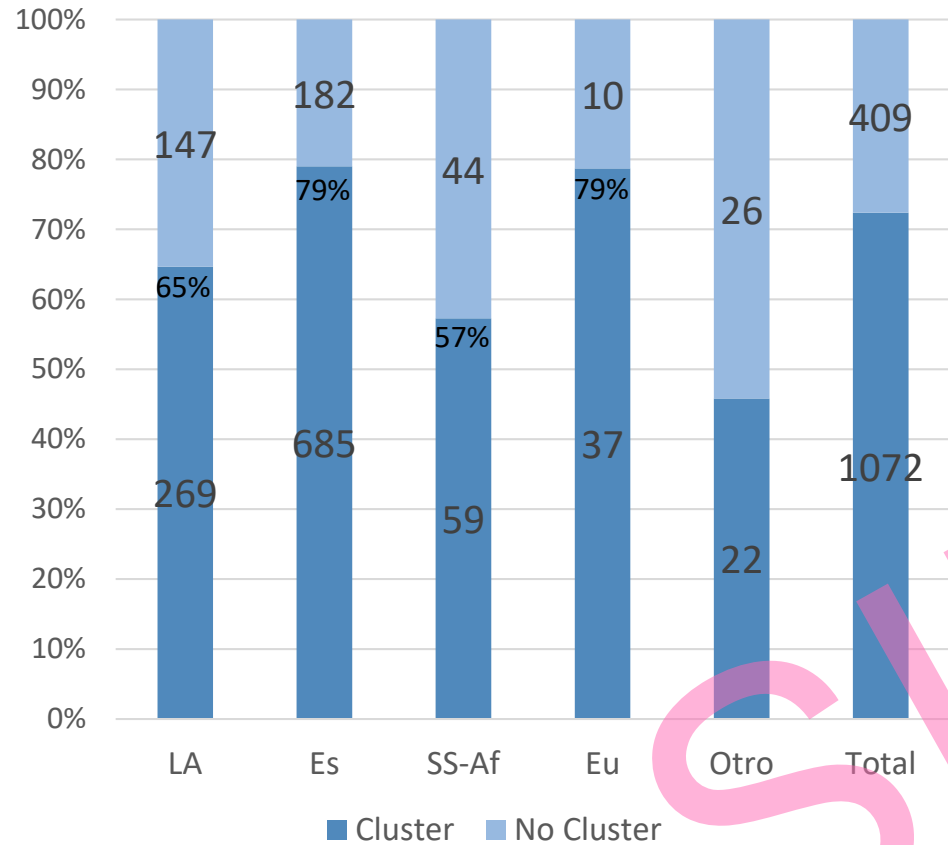


3. Vía de transmisión



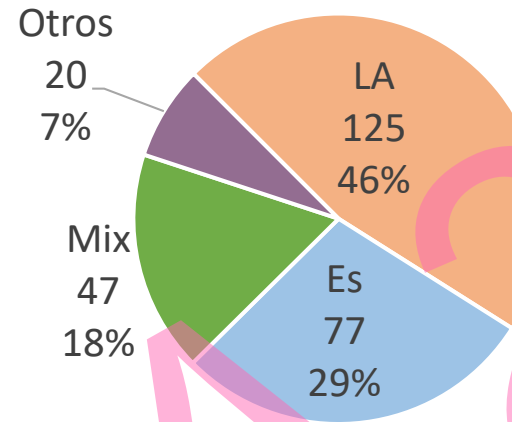
4. Subtipos

Resultados

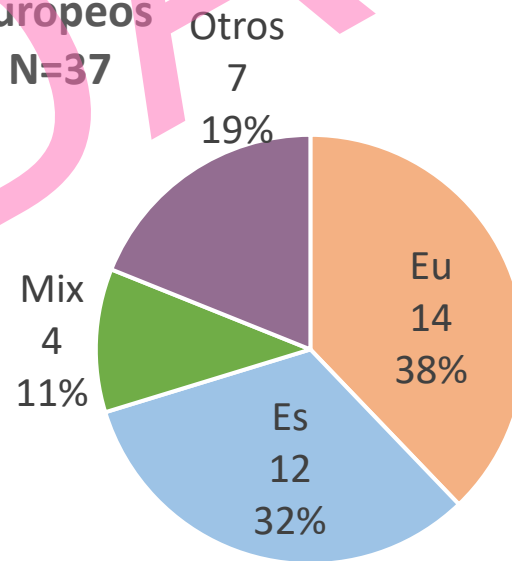


1. Agrupamiento en clusters por origen geográfico

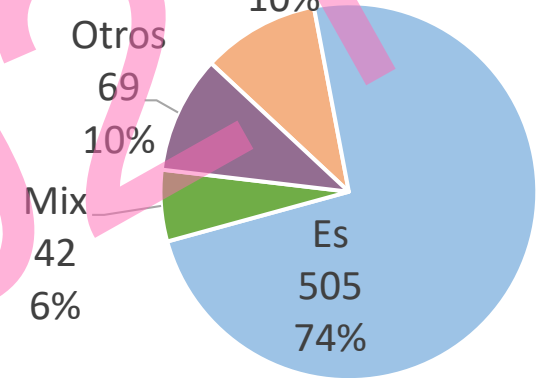
LA
N=269



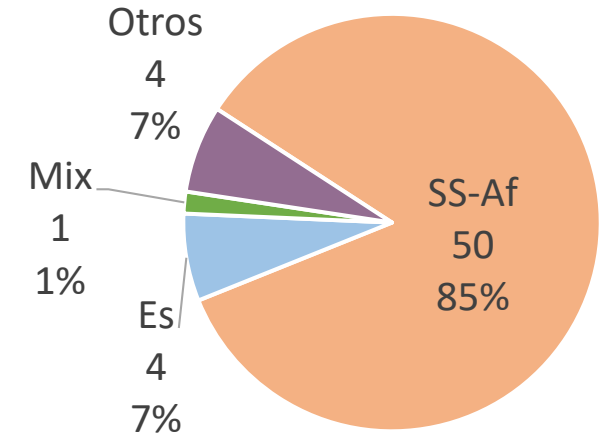
Europeos
N=37



Españoles
N=685



Africanos
N=59



2. Asociación de clusters con región de circulación de los virus

Conclusiones

- Los resultados reflejan las características de la epidemiología molecular del VIH-1 en los países de origen.
- Una proporción significativa de inmigrantes LA probablemente adquirió la infección en España después de haber migrado.
- La elevada frecuencia de agrupamiento de los LA en clusters que se propagan en España señala la existencia de transmisión del VIH-1 entre ambos grupos, probablemente relacionada con afinidades históricas, lingüísticas y culturales, en contraste con lo observado en los pacientes africanos.

Agradecimientos

Agradecemos al personal de la Unidad de Genómica del Instituto de Salud Carlos III por su ayuda técnica en secuenciación y a José Antonio Taboada, de la Consellería de Sanidade, Xunta de Galicia, por su apoyo a este estudio.

Financiación

- Instituto de Salud Carlos III (ISCIII) mediante Acción Estratégica en Salud Intramural (AESI), proyectos “Estudios sobre vigilancia epidemiológica molecular del VIH-1 en España,” PI16CIII/00033; “Epidemiología molecular del VIH-1 en España y su utilidad para investigaciones biológicas y en vacunas” PI19CIII/0042.
- ISCIII mediante proyecto Red de Investigación en SIDA (RIS), Instituto de Salud Carlos III, Subdirección General de Evaluación y Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER), Plan Nacional I+D+I, proyecto RD16ISCIII/0002/0004.
- Convenio con Osakidetza-Servicio Vasco de Salud, Gobierno del País Vasco, MVI 1001/16.
- Convenio con Galicia Consellería de Sanidade, Xunta de Galicia, MVI 1004/16.

