



EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DEL VHC EN ESPAÑA: PREVALENCIA Y DISTRIBUCIÓN DE GENOTIPOS EN POBLACIÓN COINFECTADA CON VIH

España, Hospitales del Estudio GEHEP 005



En GEHEP 005 participaron
29 hospitales de 11 CCAA

Características de GEHEP 005

- Base de datos demográficos, clínicos y virológicos
- Retrospectivo (2000-2015)
- Condiciones de anonimato y confidencialidad (Aprobado por el CAEIG)
- Abierto a servicios de microbiología y unidades de infecciosas del SNS (GEHEP/SEIMC)
- Datos de 48,947 pacientes, no seleccionados e infectados crónicamente con el VHC, 6,596 coinfectados con el VIH
- GT/subtipo de VHC: género, edad, la ruta de transmisión, la coinfección VHB, la respuesta al tratamiento antiviral y la distribución geográfica.



Estudio GEHEP 005 (2000-2015): Población coinfectada por el VIH

6.596 pacientes reclutados (Mediana en años 48, RIC, 43-52)

22.3% Mujeres (Mediana en años 49, RIC 43-54)

77.7% Hombres (Mediana en años 48, RIC 43-52)

Tabla 1. Características poblacionales y distribución de los principales genotipos del VHC (%) en función de la edad y el sexo.

	Población total		Mujeres (22.3%)		Hombres (77.7%)		
	Genotipos VHC (%)	Edad: Mediana (RIC)	Genotipos VHC (%)	Edad: Mediana (RIC)	Genotipos VHC (%)	Edad: Mediana (RIC)	<i>p</i>
Genotipo 1	59.7	48 (43-53)	61.2	49 (43-55)	59.1	47 (43-52)	<0.001*
1a	37.8	47 (43-51)	33.3	48 (42-52)	38.4	47 (43-51)	0.02**
1b	19.0	49 (43-55)	25.3	52 (46-64)	17.6	48 (43-54)	<0.001***
Genotipo 2	1.7	50 (32-76)	1.6	53 (47-58)	1.7	50 (45-54)	
Genotipo 3	19.9	48 (43-52)	19.6	47 (43-53)	20.2	48 (44-52)	
Genotipo 4	18.6	47 (42-51)	17.4	47 (42.5-51)	19.0	47 (42.75-52)	
Total		48 (43-52)		49 (43-54)		48 (43-52)	

*(Edad),**(% Genotipos),***(Edad y % Genotipos) RIC: Rango InterCuartílico.

Genotipo 1b (más prevalente en mujeres).

Los genotipos 1 y 1b fueron más prevalentes en pacientes de edad avanzada.

Los genotipos 1a, 3 y 4 se asociaron con menor edad



Estudio GEHEP 005 (2000-2015): Población coinfectada por el VIH

77.7% vía parenteral; 7.4% vía sexual

49.1% coinfectados con VHB

Tabla 2: Distribución de los principales genotipos del VHC (%) en función de la vía de transmisión.

VÍA DE TRANSMISIÓN							
	Parenteral (77.7)			Desco (14.2)	Sexual (7.9)		
	Total	UDVP	Hospitalaria*		Total	Hetero	HSH
	(1584)	(1530)	(54)	(282)	(152)	(48)	(104)
Genotipo 1	59.4	58.6	76,3	68.2	54.4	66.7	48.1
1a	39.0	38.2	36.4	43.3	38.9	36.0	33.7
1b	16.2	14.5	38.4	22.0	14.6	19.6	12.9
Genotipo 2	2.6	2.4	11.3	2.3	0.6	2.1	0.0
Genotipo 3	22.4	23.1	10.5	17.9	19.4	18.8	20.2
Genotipo 4	15.7	15.9	1.9	11.7	25.0	10.4	31.7

*La transmisión parenteral vía hospitalaria incluye transfusiones y procedimientos quirúrgicos.

Tabla 3. Distribución de los principales genotipos del VHC (%) en función de la presencia de la triple infección con VHB

	VHB		
	VHB+	VHB-	<i>p</i>
	(694)	(718)	
Genotipo 1	55.3	66.9	0.001
1a	36.4	42.6	<0.05
1b	16.4	19.7	NS
Genotipo 2	3.5	1.4	NS
Genotipo 3	19.7	15.0	NS
Genotipo 4	21.5	16.7	<0.001

Los genotipos 1a, 3 y 4 se asociaron con transmisión parenteral

El genotipo 4 fue significativamente más prevalente en HSH

El genotipo 4 fue significativamente más prevalente en coinfectados VHC / VIH / VHB



Estudio GEHEP 005 (2000-2015): Población coinfectada por el VIH

Tabla 4. Distribución de los principales genotipos del VHC (%) y su grado de biodiversidad en España, por zonas geográficas y CCAA.

	GT 1	GT1a	GT1b	GT2	GT3	GT4	Indice de Shannon
España	59.7	37.7	19.0	1.7	20.0	18.6	1.46
Zona Norte	56.0	43.0	11.6	2.4	22.1	19.5	1.53
Aragón	62.8	50.6	11.7	3.2	17.8	13.0	1.36
País Vasco	45.5	33.3	10.7	7.8	23.4	23.4	1.78
Galicia	57.3	44.0	11.9	2.2	20.2	20.3	1.51
Zona Centro	66.3	37.2	25.1	1.6	17.9	14.2	1.33
Castilla-León	63.4	46.6	13.5	0.0	29.0	7.6	1.21
C. Madrid	66.5	33.5	28.4	2.0	16.2	15.3	1.34
Zona Sur	55.2	33.8	19.0	1.5	21.7	21.5	1.51
Andalucía	55.1	33.6	19.1	1.5	21.6	21.7	1.52
Canarias	60.7	41.7	18.3	1.6	24.6	13.1	1.41
Levante	61.9	44.7	14.3	1.7	17.2	19.2	1.42
Cataluña	67.1	25.0	15.0	5.5	9.6	17.8	1.38
C. Valenciana	62.0	46.4	14.1	1.3	18.2	18.5	1.40
Murcia	52.9	36.0	16.0	2.0	13.7	31.4	1.51

Tabla 5. Diferencias en la prevalencia y distribución de los principales genotipos del VHC (%) en España al cabo de una década (Ramos et al. vs GEHEP 005)

	Estudio Ramos et al. 1998-2004	Estudio GEHEP 005 2005-2015	<i>p</i>
	(797)	(6.596)	
Genotipo 1	58.5	59.7	
1a	32.1	37.8	0.001
1b	19.7	19.7	
Genotipo 2	0.0	1.7	
Genotipo 3	25.0	19.9	0.001
Genotipo 4	13.3	18.6	0.001

Diferentes patrones en la distribución geográfica de los genotipos y también a lo largo del tiempo

Aumento de GT1a y GT4; disminución en GT3, atribuida esta última a la mejor respuesta a los regímenes basados en IFN (70.2% vs. 47.2% RVS 12).

XI CONGRESO NACIONAL

GeSIDA

GRUPO DE ESTUDIO DEL SIDA. SEIMC

XIII REUNIÓN DOCENTE DE LA RED
DE INVESTIGACIÓN EN SIDA

TOLEDO

10 A 13 DE DICIEMBRE DE 2019



CONCLUSIONES:

Presentamos los datos más completos de la prevalencia y distribución de los genotipos del VHC en España en población coinfectada por el VIH, procedentes del Estudio GEHEP 005.

Este estudio confirma, que en estos pacientes dicha distribución varía con la edad, con el sexo, con la coinfección por el VHB y también dentro de las diferentes áreas geográficas y grupos epidemiológicos.

Esta información puede ser de utilidad para conocer mejor la epidemiología molecular del VHC de cara a su eliminación.

AUTORES: Antonio Aguilera, Daniel Navarro, Leonardo Nieto, Isabel Viciano, Ana María Martínez-Sapiña, Mario José Rodríguez, Elisa Martró, María del Carmen Domínguez, Eleda Coletta, Laura Cardeñoso, Avelina Suárez, Matilde Trigo, Javier Rodríguez-Granjer, Natalia Montiel, Alberto De la Iglesia, Juan Carlos Alados, Cesar Vegas, Samuel Bernal, Felipe Fernández-Cuenca y Federico García en representación de la Plataforma de genotipado viral de GEHEP/SEIMC