

HEPATITIS C: CARGA VIRAL INICIAL HCV Y GENOTIPOS VIRALES EN PACIENTES MONOINFECTADOS POR HCV Y COINFECTADOS POR HIV/HCV.

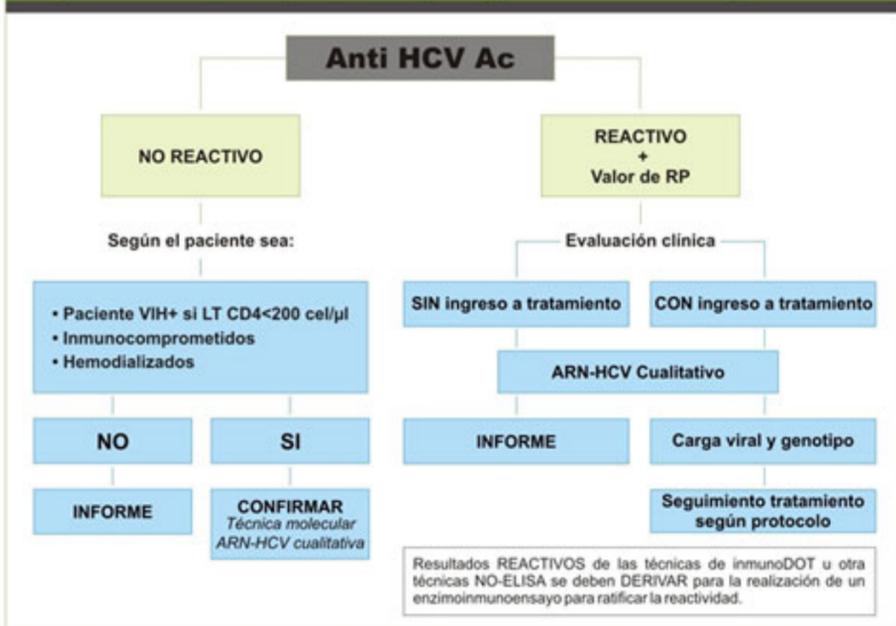
Rimoldi, I; Arreseigor, T; Gatti, C; De Jerónimo, E; Valle, M.

Centro Provincial de Referencia para VIH/SIDA, I. Biológico, La Plata, Provincia de Buenos Aires, Argentina. cprvida@ms.gba.gov.a

1 Introducción

La infección por hepatitis C es un severo problema en salud pública. La prevalencia en Argentina, oscila entre 1 a 2% de la población general, siendo la informada por el Instituto Provincial de Hemoterapia de la Pcia. de Bs. As. (2008 - 2010) de 0,16%. Las vías de transmisión son principalmente sanguínea y con menor eficacia la vía sexual y vertical. El objetivo primario del tratamiento es erradicar la infección. Actualmente se dispone de la combinación de PEG-IFN + RBV pudiéndose obtener la erradicación viral en 46-52% de los pacientes naive mono infectados con genotipo 1 y en 76-82% de los pacientes naive mono infectados con genotipos 2 ó 3. Las decisiones de tratamiento deben ser individualizadas considerando la severidad del compromiso hepático, comorbilidades asociadas, posibles efectos secundarios. La determinación de carga viral y genotipo viral se usan para evaluar la viremia y establecer un pronóstico y duración del tratamiento antiviral. En el año 2010, el Ministerio de Salud de la Pcia. de Bs. As., puso en marcha un Programa Provincial de Hepatitis Virales que posibilita el acceso al diagnóstico, monitoreo y tratamiento de los pacientes de Hospitales Públicos. El algoritmo de diagnóstico y seguimiento recomendado se detalla en la *Figura 1*.

Figura 1. Algoritmo de Diagnóstico y Seguimiento de Hepatitis C



2 Objetivo

- 1) Analizar los resultados de carga viral inicial y distribución de genotipos virales de pacientes mono infectados por HCV y co-infectados por HIV/HCV con criterio de inicio de tratamiento para infección por HCV.
- 2) Comparar los resultados obtenidos entre ambas poblaciones.

3 Material y Métodos

Estudio retrospectivo de pacientes HCV positivos procedentes del ámbito público, diagnosticados por RNA-HCV cualitativo (COBAS AmpliCor HCV versión 2.0) con criterio de inicio de tratamiento con PEG-IFN + RBV. Período de estudio: enero/2011-febrero /2012. Se recibieron muestras de plasma (EDTA K₂) para estudio de carga viral y genotipo viral. La carga viral de HCV se determinó por COBAS TaqMan HCV Test v2.0(rango dinámico: 25–391.000.000 UI/ml) y el genotipo por LINEAR ARRAY HCV Genotyping Test (G1-G6).

Las poblaciones se clasificaron en mono infectados por HCV y co infectados por HIV/HCV según la información extraída de la planilla oficial de solicitud de diagnóstico y seguimiento de

Hepatitis C del Programa Provincial de VIH/SIDA/ITS y Hepatitis Virales. *Figura 2*. Los valores de carga viral de ambas poblaciones fueron evaluados estadísticamente mediante el análisis de varianza (ANOVA). Se consideró significativo un valor $p < 0,001$.

Figura 2. Planilla de solicitud de diagnóstico y seguimiento de HCV

4 Resultados

Se estudiaron 174 pacientes, de los cuales 82 (47,1%) fueron mono infectados HCV y 92 (52,9%) co infectados HIV/HCV.

Gráfico 1 El promedio de la carga viral en mono infectados por HCV fue 2.087.344 UI/ml y en co infectados por HCV/HIV fue 5.985.995 UI/ml. *Gráfico 2* ($p < 0.001$).

La distribución de los genotipos de HCV en ambas poblaciones estudiadas se muestra en el *Gráfico 3*.

Gráfico 1. Porcentaje mono infectados HCV y co infectados HIV/HCV (n=174).

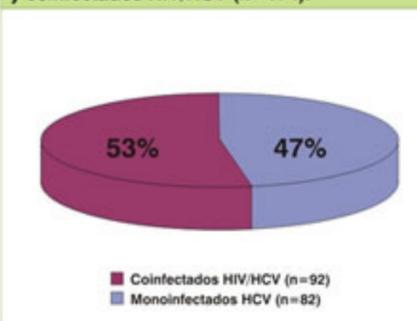


Gráfico 2. Carga viral media en poblaciones de mono infectados HCV y co infectados HIV/HCV.

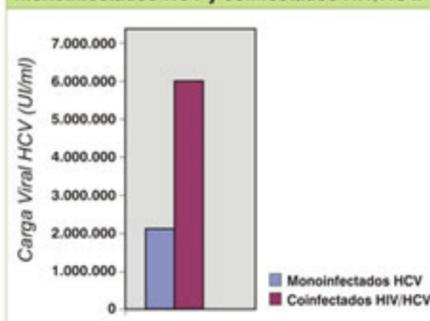
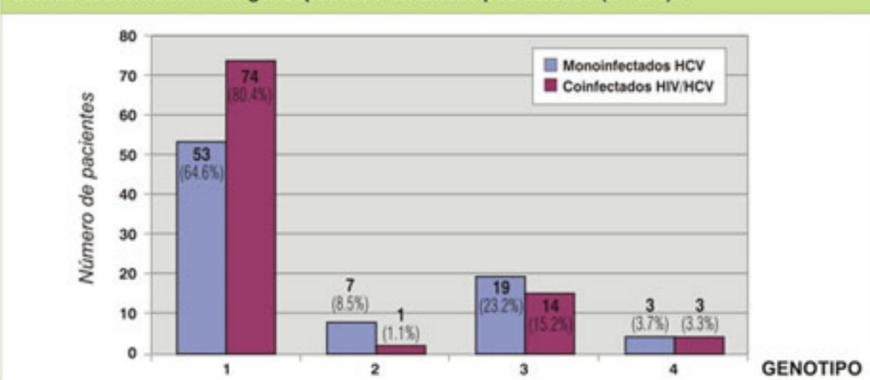


Gráfico 3. Distribución de genotipos HCV en ambas poblaciones (n=174).



5 Conclusiones

En los pacientes co infectados por HIV/HCV el valor medio de carga viral inicial de HCV fue mayor que en los pacientes HCV mono infectados. El genotipo viral 1 resulto ser el más prevalente en ambas poblaciones, presentando un mayor porcentaje en la población de co infectados HIV/HCV que en la de mono infectados por HCV. Estos resultados que coinciden con los hallados por otros autores. Estos dos factores, la carga viral inicial elevada y el genotipo 1 son de pronostico desfavorable con el tratamiento actual de hepatitis C. Los genotipos 2 y 3, con mejor respuesta al tratamiento fueron mas frecuentes en los mono infectados HCV.