



# Revista Clínica Española



<https://www.revclinesp.es>

## I-137 - PREVALENCIA DE INFECCIÓN ACTIVA POR VIRUS DE LA HEPATITIS C EN EL ÁREA NORTE DE CÁDIZ

P. Rubio-Marín<sup>1</sup>, C. Cepero León<sup>2</sup>, M. Blanco Rodríguez<sup>2</sup>, A. Terrón Pernía<sup>3</sup>, J. Alados Arboledas<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Servicio de Medicina Interna. <sup>2</sup>Servicio de Aparato Digestivo. <sup>3</sup>Servicio de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica. Hospital General de Jerez de la Frontera. Jerez de la Frontera (Cádiz).

### Resumen

**Objetivos:** Estimar la prevalencia de infección activa por VHC en el Área Sanitaria Norte de Cádiz mediante la determinación en suero del antígeno core del VHC y describir la distribución de genotipos virales.

**Métodos:** Para la estimación de la prevalencia se han revisado todos los pacientes diagnosticados mediante la detección de anticuerpos frente al VHC desde 2012 a 2014 (n = 20,313), procedentes de atención primaria. A las muestras de los pacientes en los que se detectaron anticuerpos frente VHC, se les determinó la presencia de antígeno del core VHC mediante la técnica cuantitativa Architect HCV Ag Reagent Kit<sup>®</sup> (Abbott). Esta técnica es un ensayo de quimioluminiscencia sobre micropartículas y se realiza en un autoanalizador convencional, con menos exigencias preanalíticas que las técnicas moleculares; tiene una sensibilidad analítica de 3 fmol/l (equivalentes a 3.000-5.000 UI/ml de RNA). Como criterio de inclusión se tuvo en cuenta que el paciente no hubiera sido diagnosticado previamente de infección por VHC. Se consideró un paciente con infección activa cuando se detectaba la presencia de antígeno VHC. Para conocer la distribución de genotipos en nuestro área se revisaron las historias de todos los pacientes a los que se realizó genotipado durante el periodo 2010-2015; la técnica utilizada fue HCV Genotype 2,0 Assay (LIPA) Versant<sup>®</sup> HCV (Siemens).

**Resultados:** La seroprevalencia VHC estimada en nuestro área en este periodo fue de 3,16% (643 casos). La prevalencia de infección activa en este periodo fue del 1,96% (398 casos). La media de los valores de antígeno fue 4.497 fmol/l (rango 3,7-40.186 fmol/l). Más de un tercio de la población es capaz de resolver de forma natural la infección. En el periodo estudiado se determinó el genotipo viral a 364 pacientes, la distribución fue: GT 1: 177 casos/62,3% (GT 1a 98 casos, GT 1b con 75 casos); GT 3: 67 casos/23,6%; GT 4: 32 casos/11,3%; GT 2: 8 casos/2,8%. Al analizar de forma separada la subpoblación coinfectada VIH observamos el GT 1 en 46 casos (57,5%), correspondiendo el 71,1% al subtipo 1a, seguido de GT 4 con 16 (20%), GT 3 con 15 (18,8%), GT 1b con 13 (28,3%), y GT 2 con 2 casos (2,5%). En población mono infectada la proporción 1a/1b fue similar 98 (55,4%)/75 (42,4%).

**Discusión:** Debido a la introducción de nuevas terapias altamente eficaces frente a VHC y con el fin de poder hacer una planificación eficiente de su uso, es fundamental conocer la prevalencia de dicha infección. Los datos de prevalencia disponibles, además de no actualizados se refieren a presencia de anticuerpos VHC (seroprevalencia) cuando lo importante sería conocer datos de infección activa.

*Conclusiones:* 1. Más de una tercera parte de la población de nuestro área es capaz de resolver de forma natural la infección. 2. El genotipo más frecuente en nuestro medio es el 1. 3. En los pacientes coinfectados VIH GT1 existe un predominio de subtipo 1a.