

MODIFICACIÓN DEL PERFIL GENOTÍPICO DEL VIRUS DE LA HEPATITIS C (VHC) EN EL PERÍODO 1989-2013.

Análisis de regresión logística de las variables demográficas asociadas.

María José Ferri Iglesias¹, Doroteo Acero Fernández², Rosa Durández Lázaro³, René Louvriex Freire⁴, Dunia Pérez del Campo¹ y Carmen López Núñez².

¹Servicio de Análisis Clínicos, Hospital Universitario de Girona. ²Servicio de Aparato Digestivo, Hospital Universitario de Girona. ³Servicio de Aparato Digestivo, Hospital de Salt. ⁴División de Enfermería, Hospital Universitario de Girona.

Introducción En la última década ha cambiado el perfil genotípico de la infección por el VHC en Europa. Estos cambios inciden sobre el tratamiento que es dependiente del genotipo.

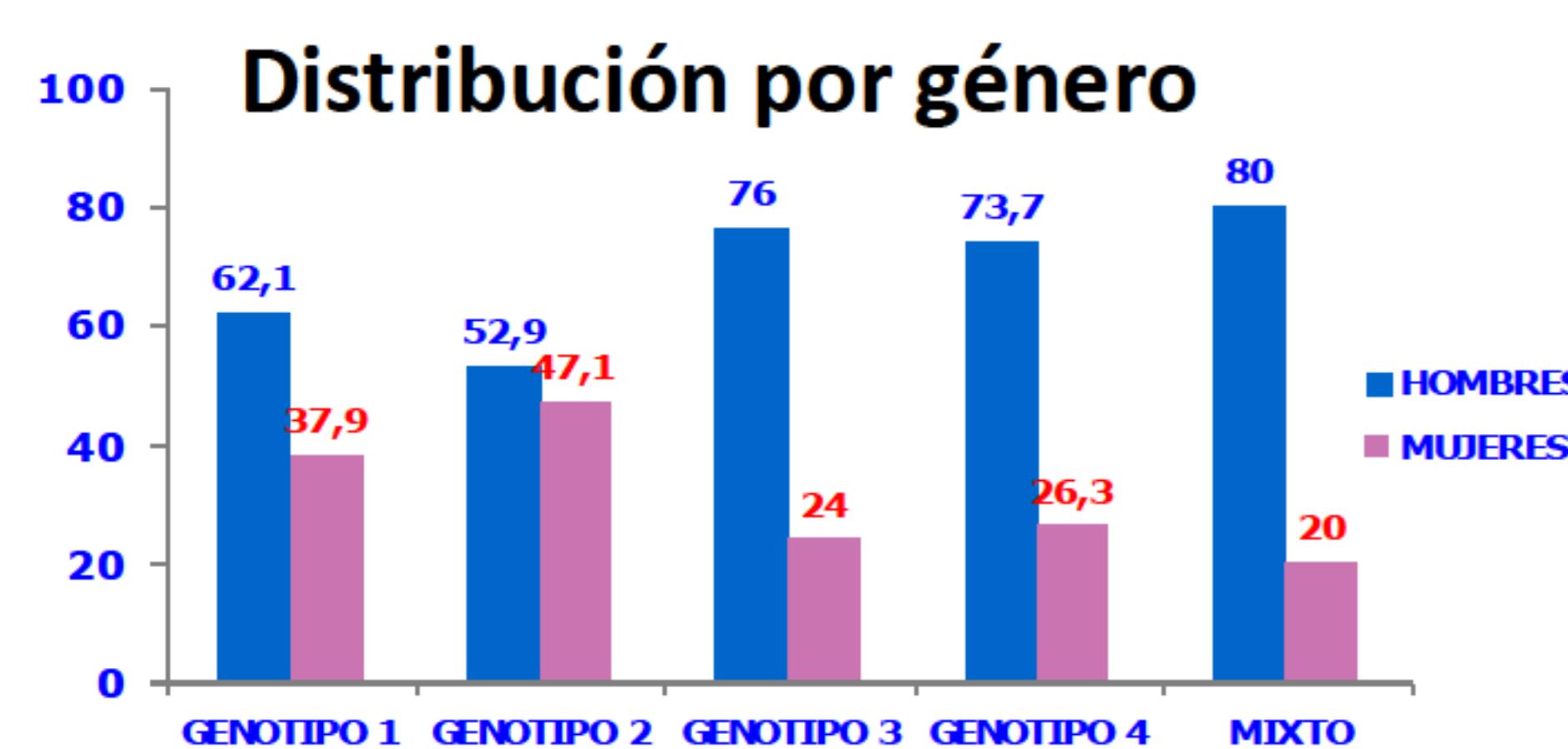
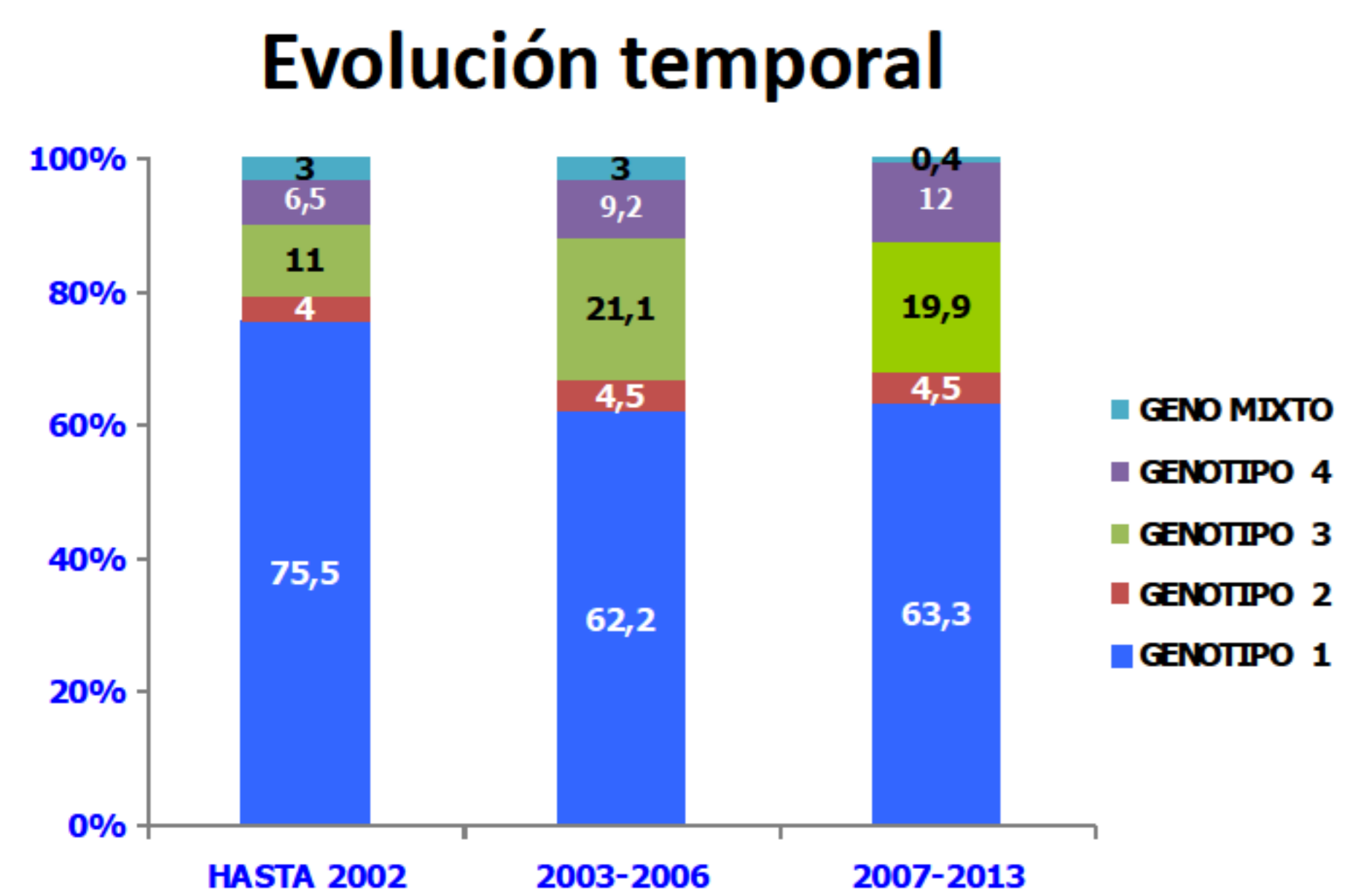
Objetivo Analizar los cambios del perfil genotípico en nuestro medio (Hospital Universitario de Girona) en el período 1989-2013 y de las variables demográficas asociadas.

Material y Método Se han incluido todos los genotipos del VHC analizados en el período señalado (INNO LIPA HCV-II hasta marzo de 2006 y LINNEAR ARRAY posteriormente). Las variables analizadas fueron género, edad al estudio del genotipo, año de diagnóstico, mecanismo de contagio, polimorfismo *rs12979860*, autóctono vs inmigrante y área geográfica de origen. Se han realizado los análisis descriptivos usuales así como de regresión logística (genotipo como variable dependiente).

Resultados

Tasas globales

Genotipo	n	%
1	984	64,5
1a	38	10,4
1b	291	66,5
1a+1b	107	22,1
2	68	4,5
3	292	19,1
4	156	10,2
Mixto	25	1,6



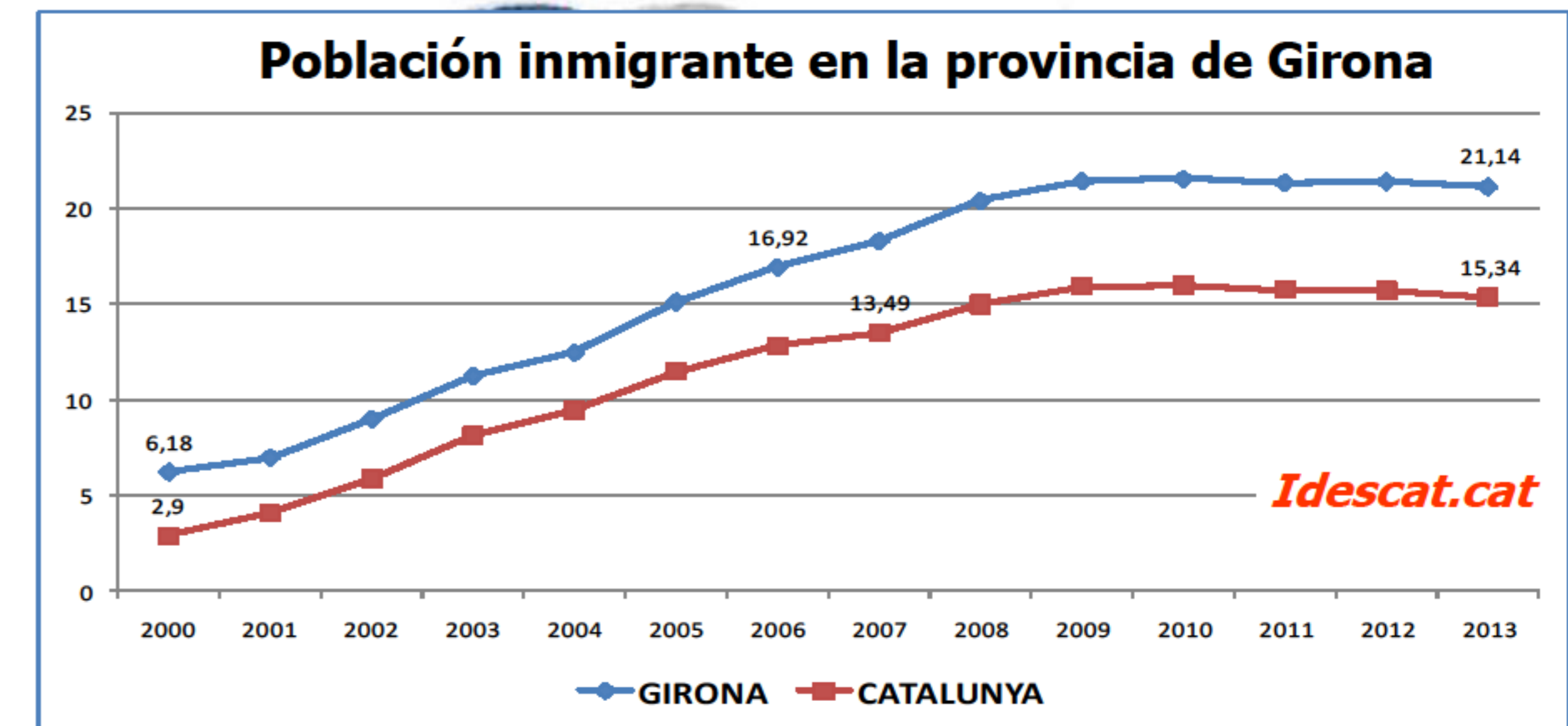
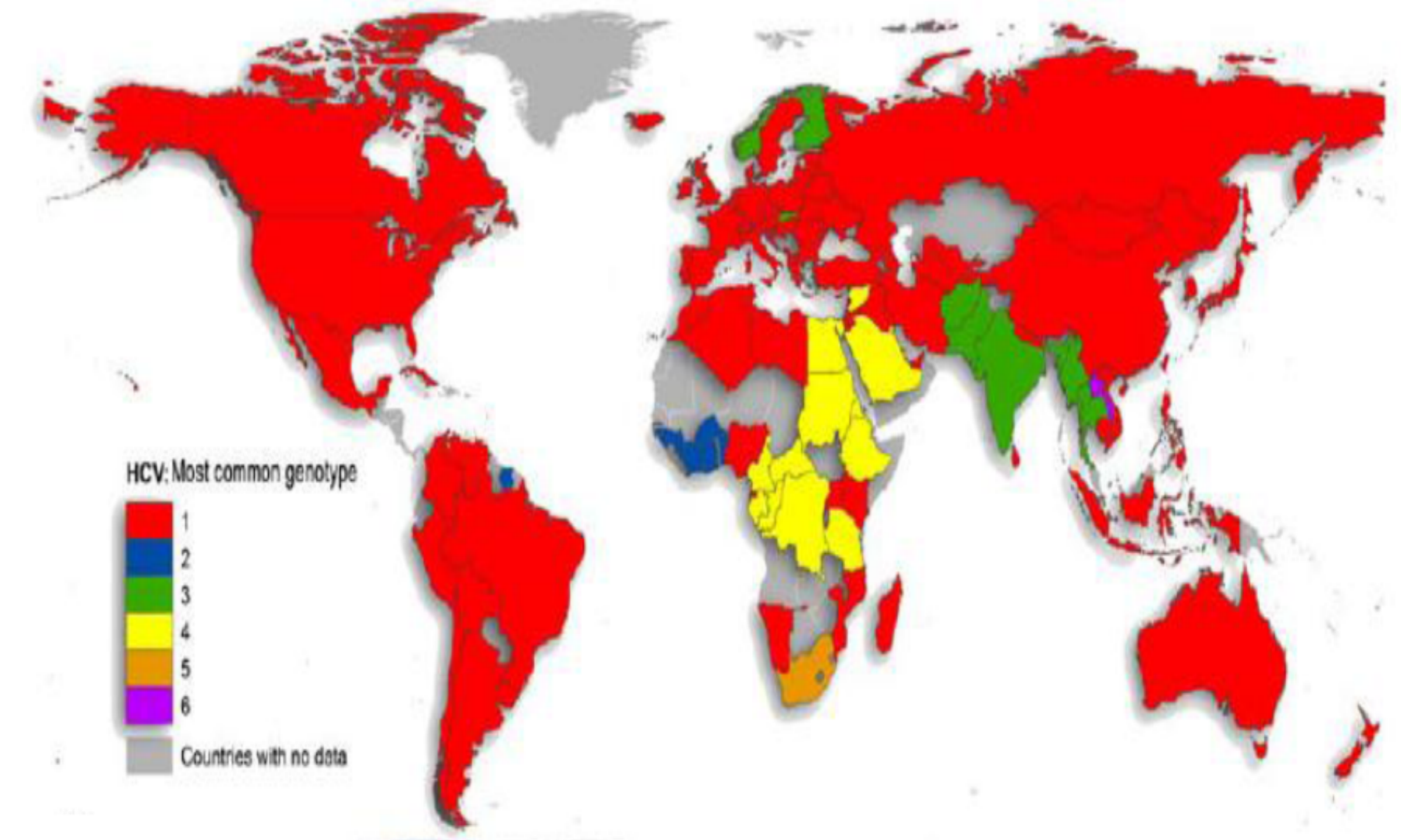
Genotipo	Grupos de edad				
	1	2	3	4	MIXTE
≤ 20 años n=20	75	0	10	10	5
21-30 a n=198	60,6	3	24,7	8,6	3
31-40 a n=442	62,2	2,9	22,6	11,1	1,1
41-50 a n=498	57,6	2,8	22,9	14,9	1,8
51-60 a n=225	74,7	8,9	10,7	5,3	0,4
60 a n=136	85,3	11	1,5	0,7	1,5

Genotipo	Mecanismo de contagio				
	1	2	3	4	MIXTO
DVP	50,2	0,4	32,4	15	2
Esporádico	63,9	8,4	18,1	8,4	1,3
Nosocomial	81,7	2,8	8,5	5,6	1,4
Transfusión	80,1	9,5	5	4	1,5

Genotipo	Origen geográfico			
	1	2	3	4
África	36,4	27,3	22,7	1,6
Europa Este	69,9	4,8	25,3	0
Comunidad Europea	65	0	25	7,5
América Latina	60,9	0	30,4	8,7
Asia	15,8	5,3	78,9	0
Autóctonos	65,6	4,3	17,1	11,1

Conclusiones En el período 1989-2013 ha existido en Girona un descenso de las infecciones por G1 y un incremento por G3 y G4, éste último genotipo todavía en aumento. Las variables demográficas asociadas a las infecciones por G3 fueron el contagio mediante DVP y la inmigración, preferentemente de Asia y Europa del Este, mientras que la inmigración, el contagio mediante DVP y una edad inferior a 50 años se asociaron con la infección por G4.

Gower E et al. J Hepatology Update 2014;61:S45-S57
Messina et al. Hepatology 2015 61: 77-87



Regresión logística

	GRUPO NO-REGRESIÓN (n=845)	GRUPO REGRESIÓN (n=680)	P
Edad (media±d.e.)	44,24 ± 12,1	41,69 ± 11,5	t=4,20 0,000
Género	Hombres 572 (67,7%) Mujeres 273 (32,3%)	Hombres 432 (63,5%) Mujeres 248 (36,5%)	P=0,088
Genotipo	1 539 (63,8%) 2 33 (3,9%) 3 166 (19,6%) 4 93 (11%) Mixto 14 (1,7%)	1 445 (65,4%) 2 35 (5,1%) 3 126 (18,5%) 4 63 (9,3%) Mixto 11 (1,6%)	P=0,587
Origen	Autóctono 714 (84,5%) Inmigrante 131 (15,5%)	587 (86,3%) 93 (13,7%)	P=0,317
Mecanismo	DVP - Post-Transf - Otros - Desconocido -	253 (37,2%) 201 (29,6%) 71 (10,4%) 155 (22,8%)	
Área	España 714 (84,5%) Europa Este 44 (5,2%) U. Europa 24 (2,8%) África 14 (1,7%) Am. Latina 14 (1,7%) Asia 10 (1,2%)	588 (88%) 38 (5,7%) 16 (2,4%) 8 (1,2%) 9 (1,3%) 9 (1,3%)	P=0,913

Genotipo	Variable	β	Odds Ratio	Intervalos
1	DVP	-1.488	0.226	0.118 – 0.433
	ÁSIA	-2.068	0.126	0.025 – 0.633
	ÁFRICA	-1.847	0.226	0.118 – 0.433
3	DVP	1.679	5.359	2.223 – 12.918
	ÁSIA	3.235	25.415	4.865 – 132.779
	EUROPA-EST	0.808	2.243	1.036 – 4.853
4	DVP	1.329	3.778	1.317 – 10.838
	INMIGRANTE	1.444	4.236	1.284 – 13.980
	EDAT < 50	1.265	3.543	1.239 – 11.306