

Sesión 25

Aspectos microbiológicos y clínicos de las infecciones víricas (no VIH) (II)

367

PREVALENCIA DE GENOTIPOS VHC EN POBLACIÓN PENITENCIARIA Y CARACTERÍSTICAS DIFERENCIALES EN POBLACIÓN GITANA

P. Saiz de la Hoya¹, M. Bedia¹, X. Portilla², V. Boix², J. Cebria¹, E. Merino², S. Reus², T. Martín¹, C. Muñoz² y J. Sánchez-Paya²

¹Centro Penitenciario Fontcalent (Alicante). ²Hospital General Universitario Alicante.

Introducción: La elevada prevalencia de hepatitis C crónica (HCC) en las prisiones españolas y una población penitenciaria caracterizada por un gran número de usuarios de drogas intravenosas (UDI), pertenecientes al colectivo gitano y de extranjeros nos ha conducido a analizar la distribución de los genotipos de VHC y su variabilidad en relación con las distintos colectivos.

Metodología: Estudio observacional realizado en la prisión de Fontcalent (Alicante) sobre pacientes con HCC genotipados. Se analizan variables sociodemográficas (sexo, edad, nacionalidad, etnia), penitenciarias, antecedentes de UDI, y coinfección por VIH, VHB y VHA. Análisis estadístico: variables cuantitativas: medianas (p25-75), análisis univariante: test X2 ó U de Mann-Whitney, significación estadística $p < 0,05$.

Resultados: Se genotipó a 448 pacientes: 92,2% varones, edad: 36 años (32-41), 92,2% nacionalidad española, 70 (15,6%) gitanos y 1,8% árabes. Primer ingreso en prisión a los 20 a. (18-24). El 84,4% (378) eran UDI, edad inicio UDI: 18 (15-21). El 55,6% VIH +; 63,3 % antiHBc +; 72% (173/240) VHA IgG +; 4,5%(19/422) HBS Ag +. Distribución de genotipos: 1A: 166(37,1%); 1B: 66 (14,7%); 1C o mixto: 7 (1,6%); 2: 6 (1,3%); 3: 128(28,6%); 4: 75 (16,7%). No se observaron diferencias estadísticamente significativas al comparar los genotipos con las variables analizadas. En los UDI existía mayor porcentaje de genotipo 1A (38,6% vs. 28,6% $p = 0,1$) y de 3 (29,47% vs. 24,3% con $p > 0,1$), mientras que el genotipo 1B era más frecuente en no UDI (21,4% vs. 13,3% $p = 0,08$). La población gitana se caracterizaba por ser más jóvenes, UDI (87,1% vs. 83,9%), mayor prevalencia de infección VIH (57,1% vs. 54%), de VHA (80% vs. 70,5%) y HBSAg (4,6% vs. 4,3%), aunque sin alcanzar diferencias significativas. Ingresaban en prisión más jóvenes: 19 a. (18-22,5) vs. 20 (17-24) $p = 0,09$ y presentan una mayor prevalencia de antiHBc + (74,6% vs. 61,3% $p = 0,04$). La distribución genotípica fue: 1A: 38,6%; 1B: 11,4%; 1C: 1,4%, 2: 1,4%; 3: 24,3%; 4: 22,9%. No se encontraron diferencias en relación con la población no gitana, aunque hay tendencia a mayor prevalencia de genotipo 4 (22,9% vs. 15,6%, $p = 0,1$).

Conclusiones: En población penitenciaria dominan los genotipos 1A y 3 probablemente en relación con la elevada prevalencia de UDI. Destaca el alto porcentaje de genotipos 4 (22,4%) en el colectivo gitano que junto a una mayor prevalencia de otras infecciones señalarían pautas de conductas que favorecerían la transmisión hemática entre ellos.

368

PCR CUANTITATIVA EN TIEMPO REAL PARA EL SEGUIMIENTO DE LA INFECCIÓN POR CMV EN RECEPTORES DE TRASPLANTE HEPÁTICO PEDIÁTRICO

E. Caballero¹, M.T. Tórtola¹, M.G. Codina¹, I. Calicó¹, J. Gavaldá², M L Lung³, M. Fernanda Bello³, I. Irastorza³ y J. Bueno³

¹Servicio de Microbiología, ²Servicio de Enfermedades Infecciosas, ³Servicio de Trasplante Hepático. Hospital Universitario Vall d'Hebron. Barcelona.

Introducción: La determinación del antígeno pp65 de CMV en sangre (antigenemia) se ha usado ampliamente para el diagnóstico precoz de enfermedad por este virus. Aunque la utilización de métodos moleculares para la cuantificación del número de copias/ml (ADNemia) de CMV es muy prometedora no existe un consenso final sobre el tipo de muestra a utilizar y la interpretación del resultado.

Objetivo: Analizar la utilidad de la cuantificación de la ADNemia de CMV mediante PCR en tiempo real a partir de sangre total en pacientes pediátricos con trasplante hepático (TH).

Material y métodos: Se han analizado 283 muestras seriadas de sangre total de 55 pacientes pediátricos receptores de TH. La cuantificación del número de copias/ml se realizó mediante PCR en tiempo real (RealArt CMV RG, Artus) en Smart-Cycler.

Resultados: En el momento de inicio del estudio 39 pacientes (214 muestras) estaban infectados por CMV, 30 pre-trasplante y 9 post-trasplante. El resto eran seronegativos y solo 1 de ellos presentó seroconversión durante el seguimiento. En los 39 pacientes con infección latente evidenciamos 5 episodios de reactivación. En 4 episodios de 3 pacientes se detectó ADNemia en 15 muestras y antigenemia en 10. La media de ADNemia fue de 196.000 copias/ml (rango 10.000 a 570.000) y la de antigenemia de 57 células positivas/100.000 PMN (rango 16-102). Estos 3 pacientes recibieron tratamiento específico, negativizándose la ADNemia en una media de 21 días y la antigenemia en 13 días. El quinto episodio correspondía a un paciente con una sola muestra positiva (ADNemia de 833 copias/ml y antigenemia de 1) que no recibió tratamiento. El resto de pacientes infectados tuvieron ADNemias y antigenemias indetectables y han estado libres de clínica sugestiva de enfermedad por CMV. En 15 pacientes no infectados no ocurrió seroconversión, siendo en todos ellos la ADNemia y antigenemia indetectables. En 1 paciente se demostró seroconversión (IgM +, avidez de IgG débil) detectándose ADNemia positiva (5 muestras) durante 32 días (media = 3.700, rango 735-8.000). La especificidad de la ADNemia en sangre total ha sido del 99,5% para cifras > 500 copias/ml y del 100% para cifras > 1000.

Conclusiones: La cuantificación de ADN en sangre total es una técnica sensible y específica para detección de enfermedad por CMV. La curva de positividad por esta técnica es superponible a la obtenida por antigenemia.

369

ESTUDIO DEL GENOTIPO Y LAS MUTACIONES ASOCIADAS A RESISTENCIA A LA LAMIVUDINA Y EL ADEFOVIR EN PACIENTES PORTADORES DEL VIRUS DE LA HEPATITIS B TRAS DISTINTOS PERÍODOS DE TRATAMIENTO

A. Morilla Morilla, S. Melón García, ¹M.L. González Dieguez, ¹M. Rodríguez, L. Villa Bajo, A. Palacio Suárez y M. de Oña Navarro

Servicio de Microbiología I, ¹Servicio de Digestivo, Hospital Universitario Central de Asturias.

Objetivo: Conocer la distribución de genotipos y la incidencia de mutaciones asociadas a resistencias a lamivudina

(LMV) y adefovir (ADF) en pacientes portadores del VHB en Asturias tras distintos períodos de tratamiento.

Material y métodos: Se estudiaron 108 plasmas pertenecientes a 55 pacientes de los cuales 42 habían recibido tratamiento con LMV o ADF, la mayoría durante más de 3 meses (93%). En 10 pacientes se realizó un seguimiento seriado al menos al año y a los 2 años de tratamiento. El genotipado y estudio de las mutaciones se llevó a cabo utilizando "TRUGENE HBV Genotyping Kit", junto con el sistema "Open Gene ADN Sequencing System" (Visible Genetics, Toronto).

Resultados: La prevalencia de los genotipos fue del 49% A, 41,6% D, 3,6% C y F, y 1,8% B. No se encontraron mutaciones asociadas a resistencias en ninguno de los 13 pacientes sin tratamiento. De los 32 pacientes a los que no se realizó seguimiento, 2 se trataron con ADF y no se encontraron resistencias asociadas a éste fármaco. De los 30 restantes que se trataron con LMV, en 3 pacientes se disponía de muestras antes de los 3 meses de tratamiento, en las que no se encontraron mutaciones. En el resto, la tasa de resistencias después de más de 1 año de tratamiento fue del 70% (19 pacientes), de los que 10 pertenecían al genotipo A (66,7%), 6 al D (50,0%), 1 al B, 1 al C y 1 al F. En cuanto a los 10 pacientes en los que se realizó seguimiento, se encontró un 40% de resistencias al año de tratamiento y un 70% después de 3 años. Tampoco se encontró relación entre los distintos genotipos y la aparición de resistencias. Por otra parte, se observó que en los pacientes que presentaban mutaciones tempranas aparecía en primer lugar la mutación que confiere resistencia por sí misma (rtM204V/I) y más tarde las mutaciones compensatorias (rtV173L, rtL180M), mientras que cuando las mutaciones eran más tardías, esas mutaciones compensatorias ya acompañaban desde un principio a las mutaciones principales.

Conclusiones: 1) Los genotipos predominantes en nuestra región fueron el A y el D. 2) No se observaron mutaciones en pacientes sin tratamiento. 3) La tasa de resistencia a LMV fue alta después de más de 1 año de tratamiento. 4) No se relacionó la aparición de resistencias con los genotipos virales. 5) La mutación rtL180M acompañó a la rtM204V en todos los casos.

370

EFICACIA DEL TRATAMIENTO DE LA HEPATITIS B CRÓNICA (HCC) EN UN CENTRO PENITENCIARIO

M. Bedia^a, P. Saiz de la Hoya^a, J. Portilla^b, V. Boix^b, E. Merino^b, J. Cebriá^a, S. Reus^b, J. Sánchez-Payá^a y F. Schiller^a

^aCentro Penitenciario de Fontcalent (Alicante I). ^bHospital General Universitario de Alicante.

Objetivo: En la actualidad muy pocos centros penitenciarios (CP) españoles tratan la HCC. Nuestro objetivo es analizar la eficacia y seguridad de un programa sobre tratamiento de la HCC con interferón pegilado y ribavirina en el CP de Fontcalent (Alicante).

Método: Estudio observacional y prospectivo que incluye los internos del CP en los que se inició tratamiento. Se define eficacia como respuesta viral precoz (RVP): carga viral (CV) indetectable tras 12 semanas de tratamiento, respuesta al final del tratamiento (RFP): CV indetectable tras 6 ó 12 meses de tratamiento (dependiendo del genotipo y de su coinfección o no por el VIH) y respuesta viral sostenida (RVS) cuando la CV fue negativa a los 6 meses de finalizado. Se analizó la respuesta según genotipo, coinfección o no por VIH, CV del virus C y grado de fibrosis hepática. Se analizan las causas de las pérdidas o abandonos. Los resultados se presentan de los pacientes que reciben tratamiento. Análisis: medias?DE y riesgo relativo con intervalo de confianza.

Resultados: 38 hombres recibieron tratamiento, edad 34,4 ± 6,5 años, antecedentes uso drogas intravenosas (UDI): 86,8%, edad inicio UDI: 19,7 ± 4,5. Genotipo 3: 18 (47%), CV-VHC basal < 850.000: 21 (55,3%), VIH+: 12 (31,6%). Se realizaron 28 biopsias hepáticas. Eficacia global: RVP(n = 36):

31(86%); RFT(n = 34): 27 (79,4%); RVS (n = 28): 18 (64,3%). Eficacia según genotipo (3/no 3), RVP: 100/72% (p < 0,05), RFT: 94/62% (p < 0,05); RVS: 81/41,7% (p < 0,05) RR: 3,1 (1,01-9,6). Eficacia según VIH-/VIH+, RVP: 92/73%; RFT: 91/54% (p < 0,05) RR: 5,2(1,2-23); RVS: 75/38% (p = 0,09). Eficacia según CV 850000UI, RVP: 100/ 69% (p < 0,05); RFT: 95/60% (p < 0,05) RR: 7,6(1,02-56); RVS: 73/54%. Eficacia según fibrosis ($\leq 1/\geq 2$), RVP: 92/73%; RFT: 82/67%, RVS: 71/57%. Causas pérdidas: 1 abandono, 3 toxicidades (1 tiroiditis, 2 trastornos psiquiátricos) y 5(13%) internos fueron trasladados a otros CP por cuestiones regimentales. En 5 casos está pendiente evaluar RVS.

Conclusiones: la eficacia del tratamiento de la HCC en los CP es similar a la observada en la población general. La elevada eficacia en los internos con virus C genotipo 3 (RVS: 81%) obliga a no retrasar su tratamiento en todos los CP. El medio penitenciario permite un control estrecho de la toxicidad del tratamiento, pero con frecuencia causas no controlables (motivos regimentales) ocasionan pérdidas de seguimiento.

371

IMPORTANCIA DE LA ETIOLOGÍA INFECCIOSA EN PACIENTES CON HIPERTRANSAMINASEMIA MARCADA

E. Castillo-Gómez¹, J. Colomina^{1,2}, M.J. Moll¹ y A. Guerrero¹

¹Unidad de Investigación-Docencia y ²Servicio de Microbiología, Hospital de la Ribera, Alzira-Valencia.

Introducción y objetivos: Los textos clásicos de hepatología citan en primer lugar a las hepatitis agudas, especialmente a las virales, en el algoritmo diagnóstico de la hipertransaminasemia "marcada" (valores superiores a 10 veces los normales). El objetivo fue determinar la frecuencia relativa de la etiología infecciosa en la hipertransaminasemia marcada en un Área Sanitaria.

Material y métodos: Se identificó retrospectivamente a los pacientes del Departamento de Salud nº 11 de la Comunidad Valenciana (236.230 habitantes), que presentaron niveles de alanina aminotransferasa (GPT) superiores a 400 U/L durante los años 2002 y 2003. Se revisaron las pruebas de laboratorio y la historia clínica informatizada en cada caso.

Resultados: Se identificaron 414 pacientes con hipertransaminasemia marcada, de los que se excluyeron 18 por documentación clínica insuficiente, quedando la población de estudio en 396 pacientes. En 271 pacientes (68%) la hipertransaminasemia tuvo una etiología no infecciosa (colestasis extrahepática, hepatopatía hipóxica, etc.) y en 125 (32%), una etiología infecciosa. En cuanto a los pacientes con etiología infecciosa, los valores medios de GPT fueron de 1164 ± 1019 U/L (mediana: 728, rango 404-5652) y la edad media de 50 ± 24 años (mediana: 49, rango: 1-91). El diagnóstico fue de hepatitis vírica en 63 casos (50%), septicemia en 47 (37%), colangitis en 10 (8%), otras hepatitis infecciosas en 2 (2%), quiste hidatídico hepático en 2 (2%) y endocarditis en 1 (1%). Los agentes etiológicos asociados a las hepatitis víricas fueron: VHC (41%), VHB (24%), VEB (16%), CMV (11%), VHA (6%) y rotavirus (2%). El 68% de las hepatitis víricas se diagnosticaron como agudas; de ellas, el 58% fueron producidas por virus hepatotropos (VHC, VHB, VHA), y el 42% por no hepatotropos. El resto de hepatitis víricas (32%) se diagnosticaron como crónicas o exacerbación de crónicas.

Conclusiones: Existe un predominio (68%) de la etiología no infecciosa en la hipertransaminasemia marcada, siendo las hepatitis víricas agudas producidas por virus hepatotropos una causa relativamente infrecuente (6%). De este modo se corrobora la necesidad sugerida en otros estudios (Bruguera et al. 2005; Whitehead et al. 1999) de cambiar el algoritmo diagnóstico de la hipertransaminasemia marcada. En el grupo de la patología infecciosa, las causas bacterianas suponen casi la mitad de los casos.

372

GRADO DE FIBROSIS HEPÁTICA (FH) EN POBLACIÓN PENITENCIARIA CON HEPATITIS C CRÓNICA. UTILIDAD DE LAS PRUEBAS BIOQUÍMICAS DE PREDICCIÓN DE FIBROSIS

J. Portilla¹, P. Saiz de la Hoya², M. Bedia², J. Sánchez-Payá¹, V. Boix¹, L. Giner¹, J.M. Murcia¹, S. Reus¹ y E. Merino¹

¹Hospital General Universitario de Alicante, ²Centro Penitenciario Fontcalet (Alicante).

Objetivo: La información sobre el grado de FH mediante biopsia hepática (BH) en pacientes con hepatitis C crónica (HCC), resulta difícil en los centros penitenciarios (CP). Nuestro objetivo fue conocer la prevalencia y grado de FH en internos con HCC y la validez de las pruebas bioquímicas para su predicción.

Métodos: Analizamos todas las BH realizadas en los internos del CP de Fontcalet (Alicante) con HCC desde julio-2001 hasta la actualidad. Para la clasificación de la FH se utilizó el índice de Knodell: F0: ausencia de fibrosis, F1: tractos fibrosos portales, F2: septos portales o periportales con arquitectura intacta, F3: fibrosis con destrucción arquitectura hepática, F4: cirrosis histológica. Test bioquímicos: APRI: AST (LSN) x 100/plaquetas; FIB-4: años x AST/(plaquetas x raíz cuadrada de ALT). Análisis estadístico: test correlación Spearman, curvas ROC, sensibilidad (S), especificidad (E), VPP y VPN.

Resultados: Se realizó BH en 84 internos, edad $37,2(\pm 6)$ años, varones 96,5%, UDI 84,4%, coinfección VIH 35 (40,7%). Grado FH, F0:12(14,3%), F1: 43 (51%), F2: 24(28,6%), F3: 5(6%), F4: 0. No se observaron diferencias significativas entre fibrosis leve (F0 y F1) y fibrosis moderada-grave (F2 y F3) según genotipo virus C, sexo, coinfección o no por VIH y UDI vs no UDI. La edad de los pacientes con F2 ó 3 fue mayor ($39,5 \pm 7,2$ años) que aquellos con F0 ó 1 ($36,2 \pm 5,6$), p = 0,02. Valor APRI según FH, F0: 0,40 (0,26-0,52); F1: 0,65 (0,43-0,85); F2: 0,66 (0,60-1,0); F3: 1,11 (0,47-6,5). Valor FIB, F0: 0,6 (0,53-0,88); F1:1,10 (0,77-1,40); F2: 1,11 (0,84-1,63); F3: 1,82(0,88-8,4). Test correlación, APRI: 0,3, FIB: 0,4. Valor AUC según APRI y FIB, F?1: 0,82 y 0,83; F ≥ 2 : 0,61 y 0,63; F ≥ 3 : 0,69 y 0,74. Evaluación APRI, F ≥ 1 : $\geq 0,54$ (S 67,6%, E 88,9%, VPP: 97,9%, VPN: 26,7%); APRI F?2: $\geq 0,55$ (S 74,1%, E 50%, VPP: 44,4%, VPN: 78,1%); F ≥ 3 : $\geq 0,88$ (S 75%, E 79,5%, VPP: 16,7%, VPN: 98,3%). Evaluación FIB, F ≥ 1 : $\geq 0,91$ (S 64,7%, E 88,9%, VPP: 97,8%, VPN: 25%); F ≥ 2 : $\geq 1,11$ (S 55,6%, E 62%, VPP: 44,1%, VPN: 72,1%); F ≥ 3 : $\geq 1,6$ (S 75%, E 78,1%, VPP: 15,8%, VPN: 98,3%).

Conclusiones: La prevalencia de FH moderada-grave en los internos con HCC no es elevada (34%), aunque aumenta con la edad. Las pruebas bioquímicas permiten discriminar, con algunas limitaciones, la presencia o ausencia de FH y la FH grave (F?3), no resultando útiles en los grados intermedios de FH. Con estas pruebas se podrían evitar algunas BH y optimizar la necesidad de tratamiento en la población de CP.

373

VARIABILIDAD EN LA EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DE ROTAVIRUS HUMANOS EN ESPAÑA

A. Sánchez-Fauquier¹, S. Moreno¹, V. Montero¹, I. Wilhelm², E. Román³ y J. Colomina⁴

¹Servicio de Virología del Instituto de Salud Carlos III de Madrid, ²Hospital Severo Ochoa de Madrid, ³Hospital de Fuenlabrada de Madrid y ⁴Hospital de La Ribera de Valencia.

Introducción y objetivo: Los rotavirus constituyen la principal causa de gastroenteritis aguda en niños menores de 5 años y constituyen al menos el 25% de las hospitalizaciones pediátricas en España. El conocimiento de los genotipos circulantes es fundamental para establecer adecuadas

estrategias de prevención. El objetivo del presente estudio ha sido caracterizar y conocer la evolución de los genotipos G de rotavirus en España en anticipación de un posible programa de la vacunación.

Material y métodos: Desde 1996 se ha establecido un programa de vigilancia en niños menores de 5 años atendidos en diversos hospitales españoles por presentar un cuadro de diarrea aguda. La detección de rotavirus en heces se realizó mediante técnica de enzimoimmunoanálisis. Las muestras positivas fueron analizadas mediante técnica de RT-PCR para determinar el genotipo G de rotavirus humano.

Resultados: De 1996 a 2004 se han analizado un total de 6.562 muestras fecales. Se detectó antígeno de rotavirus en 2.100 pacientes (32%). Un 51% de los casos fueron detectados durante los meses fríos del año (noviembre a febrero). La mayoría de los pacientes (90%) eran menores de 2 años y la distribución por sexos no mostró diferencias (57% eran varones). Un total de 1.050 muestras pudieron ser G-genotipadas obteniéndose los siguientes resultados globales: 50% de G1, 11% de G2, 7% de G3, 26% de G4 y 6% de G9. Aunque el rotavirus G1 fue globalmente el principal genotipo detectado, se han observado variaciones interanuales significativas: G4 fue el genotipo predominante en las temporadas 98-99 (69%) y 99-00 (40%), coincidiendo con un descenso en G1; G2 fue moderadamente detectado (16% de media) durante los años 99-03; G3 fue detectado en la temporada 99-00 (12%) y reapareció en la 03-04 (17%); G9 mostró un pico en las temporadas 98-99 y 99-00 (12% de media).

Conclusiones: La distribución de genotipos de rotavirus humanos en España varía en el tiempo. La vigilancia microbiológica es necesaria para monitorizar las cepas circulantes y detectar aquellos genotipos que pudieran escapar de la inmunidad inducida por las vacunas.

374

ESTUDIO SEROEPIDEMIOLÓGICO DE HEPATITIS C, HEPATITIS B, VIH Y SÍFILIS EN POBLACIÓN RECLUSA DE GRAN CANARIA (ESPAÑA)

A. Hernández*, O.E. Santana*, M. Bolaños*, J. Molina**, M.A. Gaspar***, J. Santos*** y A.M. Martín-Sánchez*
Servicio de Microbiología y Medicina Preventiva**, Hospital Universitario Insular de Gran Canaria. Centro Penitenciario de Las Palmas***.*

Objetivos: Analizar la prevalencia y los factores de riesgo de infección por VHC, VHB, VIH y sífilis en población reclusa al ingreso por el Centro Penitenciario de Las Palmas de Gran Canaria.

Material y métodos: Estudio epidemiológico observacional de tipo transversal. Se incluyeron todas las personas que ingresaron por primera vez en el Centro Penitenciario desde 1997 a 2002, permaneciendo en él al menos 15 días. Los datos epidemiológicos se obtuvieron mediante encuesta dirigida al ingreso en prisión. El estudio de anticuerpos frente a VHC, VHB y VIH se realizó mediante técnicas de enzimoimmunoanálisis. Para la detección de sífilis se utilizó una prueba de aglutinación (RPR) e inmunofluorescencia indirecta (FTA-Abs). El procesamiento y análisis estadístico de los datos se realizó con el programa informático SPSS/PC 11.0. Para el análisis se utilizaron medidas de centralización y dispersión para las variables cuantitativas. Las variables cualitativas se compararon mediante la *ji-cuadrado*; se construyeron modelos de regresión logística para el estudio de factores asociados a las infecciones por VHC, VHB y VIH.

Resultados: Se estudiaron 2700 reclusos. El 93,9% eran varones con una edad media de 32,2 años. El 25,1% eran extranjeros. La seroprevalencia encontrada fue: anti-VHC 25,8% (24,1-27,5), HBsAg 2,7% (2,1-3,4), anti-HBc total 26,8% (25,1-28,5), anti-VIH 1,9% (1,4-2,5) y sífilis 3,3% (2,6-4,0). El 58,1% son susceptibles a la infección por el VHB. El 57,03% se les considera sanos respecto a estas infecciones. El 35,7% son o han sido usuarios de drogas intravenosas y el

32,1% comparten jeringuillas. El 2% se declaran homosexuales, y de ellos el 10,4% son VIH positivos. Los modelos de regresión logística para anti-VHC, anti-HBc y anti-VIH demuestran que el principal factor de riesgo para estas infecciones es el uso de drogas intravenosas.

Conclusiones. La infección más prevalente entre los reclusos fue la hepatitis C. La infección por el VIH es alta entre homosexuales masculinos. También es frecuente en esta población el uso compartido de jeringuillas y la no utilización de preservativos.

375

SÍNDROME MONONUCLEÓSICO POR EPSTEIN-BARR. COMPARACIÓN ENTRE ANTICUERPOS HETERÓFILOS E IGM ANTI-VCA

R. Luján¹, J. Merino¹, J. Esteban², A. Ortiz², R. Fernández-Roblas², A. Fernández³ e I. Gadea²

¹Servicio Microbiología Clínica Fundación Jiménez Díaz - UNILABS. ²Servicio Microbiología Clínica Fundación Jiménez Díaz - UTE. ³Laboratorio de Urgencias Hospital La Zarzuela - UNILABS.

Objetivos: Estudiar la incidencia de falsos positivos y negativos en la prueba de los anticuerpos heterófilos para la determinación de síndrome mononucleósico originado por el virus Epstein-Barr (EVB) en nuestro medio. Comparación con el análisis de anticuerpos IgM dirigidos contra antígenos víricos específicos, en este caso, antígeno de la cápsida viral (VCA).

Material y métodos: Análisis retrospectivo de pacientes a los que se les realizó determinación de anticuerpos heterófilos e IgM anti-VCA durante los años 2004-2005. Los pacientes estudiados procedían de diferentes zonas de Madrid. Nuestro Servicio de Microbiología Clínica presta asistencia a diversos hospitales, clínicas y centros médicos distribuidos por todo el área geográfica de Madrid. Se realizaron análisis de anticuerpos heterófilos mediante Monolates (biokit) y detección de anticuerpos específicos IgM anti-VCA utilizando Captia EBV VCA-IgM (Trinity. Biotech), empleando una plataforma GENESIS (Inverness medical).

Resultados: De los 366 sueros del estudio 268 pacientes se catalogaron como seronegativos (ausencia de anticuerpos frente a VEB de fase aguda IgM anti-VCA y anticuerpos heterófilos), 50 pacientes fueron seropositivos (con resultados positivos frente a las dos pruebas citadas), 37 pacientes fueron falsos positivos (anticuerpos heterófilos positivos e IgM anti-VCA negativos) y 11 pacientes falsos negativos (anticuerpos heterófilos negativos e IgM anti-VCA positivo). En base a esta descripción, se establecieron la sensibilidad (82%), especificidad (88%), valor predictivo positivo (57%) y valor predictivo negativo (96%). Se consideró que la respuesta IgM anti-VCA debía ser negativa para los sueros seronegativos y en fase convaleciente, y positiva para los sueros en fase aguda.

Conclusiones: Se ha obtenido un número apreciable de falsos positivos al realizar la detección de anticuerpos heterófilos. Pudiera ser recomendable realizar, en todos los casos posibles, la determinación de IgM anti-VCA para diagnóstico de síndrome mononucleósico originado por EBV.

377

INFECCIÓN POR VIRUS DENGUE EN NIÑOS Y ADOLESCENTES PANAMEÑOS

B. Larrú¹, E. Quiroz², J. Nieto³, E. Castaño³, M.M. Castrejón³, D. Estripeaut³ y X. Sáez-Llorens³

¹Hospital Universitario La Paz, Madrid. ²Instituto Conmemorativo Gorgas de Estudios de la Salud, Panamá. ³Hospital del Niño, Panamá.

Introducción: El dengue es una enfermedad infecciosa emergente, considerada actualmente como un problema de salud pública mundial.

Material y métodos: Se incluyeron en el estudio todos los casos positivos de Dengue confirmados de pacientes < 19 años, durante los años 2000-2005. En las muestras recibidas en los 3 primeros días de la enfermedad se aisló el virus mediante cultivo y en las recibidas entre los días 3-30 por serología. Se analizaron las características clínicas y epidemiológicas de los pacientes.

Resultados: Se incluyeron 457 pacientes (57,6% niñas y 42,4% niños). La mediana de edad fue de 13 años (RIQ = 6). Se detectó un predominio de la infección en las zonas urbanas y en los meses de Mayo-Noviembre. Se registraron 2 epidemias en los años 2001 (33,9%) y primeros 8 meses del 2005 (23,1%). Las manifestaciones clínicas más frecuentes fueron: fiebre (95,2%), cefalea (74,2%), escalofríos (65,9%), exantema (63,5%), mialgias (51,9%) y dolor retroorbitario (51,6%). No se observaron diferencias estadísticamente significativas al dividir a los pacientes en grupos de edad; <5 años, 6-10 años y > 10 años. En 94,5% de los pacientes se registró el antecedente de contacto con otro sujeto infectado en los 15 días previos. Se diagnosticaron 7 casos de Dengue Hemorrágico de los cuales 4 murieron.

Conclusiones: En Panamá el Dengue continúa siendo un importante problema de salud pública. Para conseguir un control efectivo de la infección es preciso realizar estudios epidemiológicos, que como el nuestro, contribuyan a diseñar estrategias preventivas adecuadas.

378

HEPATITIS E EN UN ÁREA SANITARIA DE LEVANTE

E. Castillo-Gómez¹, M.T. Pérez-Gracia², J. Colomina^{1,3}, S. Fernández-Barredo², C. Galiana² y A. Guerrero¹

¹Unidad de Investigación y Docencia. Hospital de la Ribera. Alzira-Valencia. ²Departamento de Atención Sanitaria, Salud Pública y Sanidad Animal. Facultad de Ciencias Experimentales y de la Salud. Universidad Cardenal Herrera-CEU. Moncada-Valencia. ³Servicio de Microbiología. Hospital de la Ribera. Alzira-Valencia.

Introducción y objetivos: La infección por el virus de la hepatitis E (VHE) es la causa principal de hepatitis no-A no-B de transmisión entérica en países subdesarrollados. En los países desarrollados la enfermedad se considera poco frecuente y se relaciona con viajes a zonas endémicas. Sin embargo, en los últimos años, los casos no relacionados con estos viajes van en aumento, habiéndose descrito recientemente 18 casos autóctonos en España (9 en Madrid y otros 9 en Barcelona). El objetivo del estudio fue conocer la frecuencia de la infección por VHE en nuestra Área Sanitaria.

Material y métodos: Se identificaron retrospectivamente a los pacientes del Departamento de Salud nº 11 de la Comunidad Valenciana (236.230 habitantes), que durante los años 2002-2003 presentaron niveles de alanina aminotransferasa (GPT) superiores a 400 U/L. Para cada paciente, se revisaron las pruebas de laboratorio y la historia clínica informatizada. Se consideraron como "casos" los pacientes con diagnóstico de hipertransaminasemia marcada de etiología desconocida (hepatitis no filiada) o incierta (hepatitis medicamentosa, hepatitis asociada al embarazo). En estos, se analizó la presencia de anticuerpos específicos de clase IgM e IgG anti-VHE por EIA y de genoma viral por RT-PCR.

Resultados: Se identificaron 49 casos, de los que se excluyeron 22 por insuficiencia de suero, quedando la población de estudio en 27 pacientes. Los valores medios de GPT fueron de 760 ± 477 U/L (mediana: 554, rango: 411-2277) y la edad media de 47 ± 28 años (mediana: 48, rango: 1-94). Trece pacientes (48%) fueron inicialmente diagnosticados de hepatitis no filiada y 14 pacientes (52%) de hepatitis de causa incierta (13 hepatitis medicamentosas, 1 hepatitis asociada al embarazo). En un total de 25 pacientes (93%) dieron negativas todas las pruebas para la detección del VHE. Tan solo en 2 pacientes, inicialmente diagnosticados de hepatitis no fi-

liada, dieron positiva la prueba de IgM anti-VHE pero con determinaciones negativas tanto para IgG como para RNA viral.

Conclusiones: La incidencia del VHE en nuestra área geográfica es nula, aunque la muestra analizada es pequeña. No obstante, conviene tener en cuenta la infección por el VHE en los pacientes con valores de GPT > 400 U/L diagnósticos de hepatitis no filiada o incierta.

379

PORTADORAS DE ANTÍGENO DE SUPERFICIE DEL VIRUS B DE LA HEPATITIS EN EL EMBARAZO E INMIGRACIÓN

L. Ariño, B. Casado, V. Quintero, A. Rodríguez, J.J. Camarena, M. Canos y J.M. Nogueira

Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Doctor Peset, Valencia.

Introducción y objetivos: Conocer la evolución y el efecto de la inmigración en la frecuencia de portadoras de antígenos de superficie del virus de la hepatitis B en el período 2000-2005 en mujeres embarazadas.

Material y métodos: Se estudia la presencia de portadoras de HbsAg en 11.519 mujeres embarazadas, atendidas en el Hospital Universitario Dr. Peset (Distrito Sanitario 10 de Valencia), y la relación con su nacionalidad de origen. La determinación de HBsAg se realizó por el método de MEIA (AxSYM- Abbott).

Resultados: Se encontraron 75 casos (0,65%) de mujeres embarazadas portadoras de antígeno de superficie del virus de la hepatitis B y 3 de ellas eran portadoras de HbeAg (4%). Se observó un descenso en la incidencia global de portadoras del 0,85% (2000) al 0,47% (2005). De las portadoras de HbsAg, en el trienio 2000-2002 el porcentaje de españolas fue del 64,86% y de extranjeras del 35,14%, mientras que en el trienio 2003-2005 el de españolas fue del 52,63% y los inmigrantes constituyeron el 47,37%. En el año 2005 el número de portadoras en población inmigrante superó a la nacional (60% vs. 40%). Además se ha objetivado un incremento en el porcentaje de partos de mujeres inmigrantes en los últimos años que alcanzó en el 2005 el 28%, siendo su origen más frecuente Latinoamérica. Sin embargo, en el total de gestantes extranjeras portadoras de HBsAg el porcentaje más alto corresponde a las procedentes de Europa del Este con el 41,94%, seguida de las mujeres africanas (Subsaharianas y magrebíes) con un 35,48%.

Conclusiones: Se evidencia un aumento del número de partos de mujeres inmigrantes en los últimos 6 años, representando las latinoamericanas el mayor porcentaje de los mismos. En este período se objetiva un descenso en la incidencia global de mujeres portadoras del HbsAg en nuestro distrito sanitario. Paralelamente se ha observado un incremento de mujeres extranjeras portadoras, siendo el grupo de mujeres procedentes de Europa del Este (Rumanía) el más relevante. Resulta de especial importancia garantizar los controles prenatales especialmente en la población descrita si se pretende continuar evitando, la transmisión vertical de la hepatitis B.

380

GENOTIPOS DEL VIRUS DE LA HEPATITIS C EN EL DISTRITO SANITARIO 10 DE VALENCIA

J. Alberola, M.J. Alcaraz, J. Camarena, L. Ariño y J.M. Nogueira

Servicio de Microbiología. Hospital Universitario Dr. Peset Valencia.

Objetivos: Conocer la distribución etaria de genotipos del virus de la hepatitis C en la zona de influencia de nuestro Hospital a lo largo de un período de 4 años y medio.

Material y métodos: Entre julio de 2000 y diciembre de 2005 se estudiaron 1385 pacientes. Se realizó una RT-PCR (Amplicor HCV, Roche®) para confirmar y cuantificar la presencia de virus. Se procedió al genotipado de forma inmediata, a partir de los amplicones obtenidos, mediante una técnica de hibridación reversa (Inno-Lipa HCV II, Innogenetics®).

Resultados: De un total de 1.385 pacientes en seguimiento, 241 presentaron una carga viral indetectable (< 600 UI ARN-VHC/mL) o insuficiente para proceder al genotipado, los resultados correspondientes a las restantes 1144 muestras se distribuyeron por grupos de edad. En el grupo de pacientes de 20 a 30 años de edad (109 pacientes) la distribución por subtipos fue la siguiente: 1a 34,9%, 1b 26,6%, 1 6,4%, 2 0,9%, 3 14,7%, 4 15,6% e infecciones mixtas 0,9%. En el grupo de pacientes de 30 a 40 años de edad (480 pacientes) la distribución por subtipos fue la siguiente: 1a 27,1%, 1b 22,7%, 1 5,4%, 2 1,9%, 3 23,8%, 4 17,3%, 5 0,4% e infecciones mixtas 1,5%. En el grupo de pacientes de 40 a 50 años de edad (339 pacientes) la distribución por subtipos fue la siguiente: 1a 17,7%, 1b 39,5%, 1 4,7%, 2 3,2%, 3 21,2%, 4 10,6%, 5 1,2% e infecciones mixtas 1,8%. En el grupo de pacientes de 50 a 60 años de edad (146 pacientes) la distribución por subtipos fue la siguiente: 1a 8,2%, 1b 71,2%, 1 2,7%, 2 2,1%, 3 9,6%, 4 5,5% y 5 0,7%. En el grupo de pacientes de 60 a 70 años de edad (70 pacientes) la distribución por subtipos fue la siguiente: 1a 4,3%, 1b 82,9%, 1 2,9%, 2 2,9%, 3 2,9%, 4 2,9% y 5 1,4%.

Conclusiones. Entre los grupos de menor edad se observa un mayor número de casos descritos como genotipos 1a, 3 y 4, así como la aparición de infecciones mixtas. La presencia del genotipo 1b en pacientes de más de 50 años es mayoritaria. No se detectan variaciones regionales o locales en comparación con otros estudios existentes.

381

GENOTIPADO DE INFECCIONES MIXTAS POR EL VIRUS DE LA HEPATITIS C MEDIANTE UN SISTEMA DE HIBRIDACIÓN REVERSA (LIPA)

J. Alberola, M.J. Alcaraz, J. Camarena, A. Rodríguez y J.M. Nogueira

Servicio de Microbiología. Hospital Universitario Dr. Peset Valencia.

Objetivos: Conocer la distribución de los genotipos prevalentes del virus de la hepatitis C así como la presencia de infecciones mixtas en casos de infección en la población de la zona de influencia de nuestro Hospital en los últimos cuatro años y medio.

Material y métodos: Se estudian muestras de 1531 Pacientes con infección por VHC diagnosticados entre julio de 2000 y diciembre de 2005 (54 meses seguidos) en población de influencia de nuestro Hospital (área 9 de Valencia) y muestras recibidas del Hospital Lluís Alcanyis de Xàtiva. Se realizó una RT-PCR (Amplicor HCV, Roche®), y se procedió al genotipado de forma inmediata a partir de los amplicones obtenidos, mediante una técnica de hibridación reversa (Inno-Lipa HCV II, Innogenetics®).

Resultados: El genotipo prevalente fue el 1 (67,2% de los genotipados) seguido por el genotipo 3 (17,2%) y genotipo 4 (11,2%). Solo el 2,1% presentó un genotipo 2 y el 0,75% el 5. Se detectaron con esta metodología un 1,2% (19 casos) de infecciones mixtas. Entre ellas prácticamente todas incluyeron algún genotipo 1, y más del 50% (11 de las 19) se correspondieron con el patrón 1a-1b. En concreto la distribución de los casos de infección mixta fue: 11 el tipo 1a-1b, 4 del tipo 1+4, 2 del tipo 1+3, 1 del tipo 1+2 y 1 que incluía 2 del tipo 4.

Conclusiones: El genotipado del VHC mediante Inno-Lipa método rápido y sencillo de hibridación reversa presenta un índice de genotipado excelente y permite la detección de infecciones mixtas. Los resultados obtenidos muestran unos datos muy similares a los descritos en otras series realizadas en nuestro entorno. Sin embargo, cabe destacar, un mayor porcentaje de infecciones mixtas tipadas con este método, con respecto a otros estudios.