



VIRUS DE LA HEPATITIS C GENOTIPO 4 EN UNA POBLACIÓN DE PACIENTES INFECTADOS POR EL VIRUS DE LA INMUNODEFICIENCIA HUMANA

Sr. Director: La determinación del genotipo del virus de la hepatitis C (VHC) aporta una información epidemiológica y puede además ser un predictor de la respuesta al tratamiento e incluso del nivel de la carga viral. Así, los pacientes infectados con los genotipos 2 o 3 responden mejor que los del 1 y 4 a los tratamientos antivirales¹.

Los distintos genotipos virales muestran prevalencias diferentes en las distintas regiones del mundo, de modo que el genotipo 1 se encuentra repartido por todo el mundo, mientras que el subtipo 1a es altamente prevalente en buena parte de Europa y América y el 1b es más frecuente en la Europa mediterránea y en el Extremo Oriente, incluidos China y Japón. El genotipo 3 es muy frecuente en las personas adictas a drogas por vía parenteral infectadas a través del uso compartido de jeringuillas^{1,2}. El genotipo 4 es más frecuente en el norte de África y en Oriente Próximo, aunque tampoco es excepcional en los países de la Europa mediterránea como Grecia, Italia y España^{3,4}.

La infección crónica por el VHC genotipo 3 suele acompañarse de un nivel de viremia inferior al que se encuentra en los otros genotipos⁵. A su vez, los pacientes infectados por el genotipo 4 presentan una carga viral menor que en las hepatitis C por otros genotipos⁶⁻⁸.

Basándonos en estos estudios, decidimos analizar, en una población de pacientes coinfectados por el VHC y el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH), si los enfermos con el genotipo 4 tenían una carga vírica menor que los pacientes con los otros genotipos del VHC. Ninguno de los pacientes había recibido tratamiento antiviral frente al VHC con anterioridad.

Componían la muestra 50 pacientes (41 varones y 9 mujeres), de edades comprendidas entre los 18 y 50 años, con una edad media de 38 años. El genotipo 1a lo presentaban 20 pacientes (40%); el 1b, 7 enfermos (14%); el 1, sin poder subclasificar, 6 pacientes (12%); el 3a, 11 pacientes (22%), y el 4, 5 enfermos (10%).

Los 5 pacientes que presentaban el genotipo 4 del VHC (4 varones y una mujer) tenían edades comprendidas entre los 35 y 41 años, con una edad media de 37,8 años. En los 5 casos había existido adicción a drogas por vía parenteral y uno de los varones era transexual.

La infección por el VIH era conocida entre 5 y 17 años atrás, con una media de 12, 4 años. Con respecto a la infección por el VIH, la cifra de

linfocitos CD4 oscilaba entre 176 y 1.131 células/ml, con una media de 495 células/ml, y la carga viral era indetectable en 3 de ellos. Uno de estos pacientes no seguía en ese momento tratamiento antirretroviral y la carga viral era de 87.000 copias, y otro que realizaba muy defectuosamente el tratamiento tenía una carga viral de 63.000 copias.

Con respecto al VHC genotipo 4, las cargas virales eran, respectivamente, de 87.600, 149.000, 271.000, 307.000 y superior a 850.000 U/ml. Por lo tanto, era inferior a 250.000 U/ml en 2 casos, en otros 2 oscilaba entre 250.000 y 500.000 U/ml y un único paciente presentaba una carga viral del VHC superior a 850.000 U/ml.

Comparando con el resto de los pacientes infectados por el VHC de genotipos distintos del 4, la carga viral era superior a 850.000 U/ml en 15 casos (33%), oscilaba entre 500.000 y 850.000 U/ml en 13 casos (28%), entre 250.000 y 500.000 U/ml en otros 14 casos (31%) y era inferior a 250.000 U/ml únicamente en 3 pacientes (6,6%).

Obviamente, no se pueden realizar análisis comparativos entre las 2 series al comprender un número de enfermos muy diferente (45 frente a 5), pero resulta evidente que la carga viral del VHC genotipo 4 es notablemente menor que la de los otros genotipos.

F. MARCOS SÁNCHEZ, M.I. ALBO CASTAÑO, F. ÁRBOL LINDE,
F.M. GÓMEZ SOTO, S. CASALLO BLANCO
y A. VIANA ALONSO
Servicio de Medicina Interna. Hospital Nuestra Señora del Prado.
Talavera de la Reina. Toledo. España.

BIBLIOGRAFÍA

1. Marcos Sánchez F, Albo Castaño MI, Árbol Linde F, Viana Alonso A, Castañeda Bergamín C, Moreno Palomares M. Estudio del genotipo y de la carga viral del virus de la hepatitis C en una población de pacientes infectados por el virus de la inmunodeficiencia humana. *Investig Clin* 2003;6:7-11.
2. Cilla G, García-Bengoechea M, Pérez-Trallero E, Montalvo I, Vicente D, Arenas JL. Genotyping of HCV isolates from Basque Country, Spain. *Epidemiol Infect* 1996;117:533-6.
3. Roffi L, Ricci A, Ogliari C, Scalory A, Minola E, Colloredo G, et al. HCV genotypes in Northern Italy: a survey of 1.368 histologically proven chronic hepatitis C patients. *J Hepatol* 1998;29:701-106.
4. Ramón Sánchez MC, Torío Cabezón R, Mazón Ramos MA, Martín Gil FJ, Del Álamo M. Hepatitis C virus genotype 4 in a North-west Spain district. *J Clin Virol* 2003;28:223-4.
5. World Health Organization. Hepatitis C: global prevalence (update). *Wkly Epidemiol Rec* 2000;75:18-9.
6. Smith DB, Davidson F, Yap P, Brown H, Kolberg J, Detmer J, et al. Levels of hepatitis C virus in blood donors infected with different viral genotypes. International Collaborative Study Group. *J Infect Dis* 1996;173:727-30.
7. Lau JY, Davis GL, Prescott LE, Maertens G, Lindsay KL, Quian K, et al. Distribution of hepatitis C virus genotypes determined by line probe assay in patients with chronic hepatitis C seen at tertiary referral clusters in the United States. Hepatitis International therapy group. *Ann Intern Med* 1996;124:868-76.
8. Rodríguez JC, García J, Moya I, Ayelo A, Vázquez M, Sillero C, et al. Variabilidad genética del virus de la hepatitis C en el área de salud de Elche. Correlación entre el antígeno del core y la carga viral. *Gastroenterol Hepatol* 2003;26:407-10.