



EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DEL VHB EN ESPAÑA: PREVALENCIA Y DISTRIBUCIÓN DE GENOTIPOS EN LA POBLACIÓN ESPAÑOLA AUTÓCTONA DURANTE EL PERIODO 2000-2015 (ESTUDIO GEHEP 010)

Rocio Trastoy (1), Marta Álvarez (2), Leonardo Nieto (3), Juan Luis Muñoz-Bellido (4), Santiago Melón (5), Avelina Suárez (6), Antonio Orduña (7), Isabel Viciano (8), Samuel Bernal (9), Silvia García-Bujalance (10), Natalia Montiel (11), José Miguel Molina (12), Miren Basaras (13), Felipe Fernández-Cuenca (14), Isabel García-Arata (15), Gabriel Reina (16), Dolores Ocete (17), María Mancebo (9), Daniel Navarro De La Cruz (1), Ana Belén Pérez (2), María Buti (3), Ana María Blázquez De Castro (4), Francisco Rodríguez-Frias (3), Federico García (2), Antonio Aguilera (1)

(1)Complejo Hospitalario Universitario de Santiago, (2)Hospital Universitario San Cecilio, (3)Hospital Universitario Val d'Hebrón, (4)Hospital Clínico Universitario de Salamanca, (5)Hospital Universitario Central de Asturias, (6)Hospital Clínico Universitario San Carlos, (7)Hospital Clínico Universitario de Valladolid, (8)Hospital Universitario Virgen de la Victoria, (9)Hospital Universitario Virgen de Valme, (10)Hospital Universitario La Paz, (11)Hospital Costa del Sol, (12)Hospital Universitario La Fe, (13)Hospital Universitario de Basurto, (14)Hospital Universitario Virgen Macarena, (15)Hospital Universitario de Fuenlabrada, (16)Clínica Universitaria de Navarra, (17)Hospital Universitario General de Valencia



**GRUPO DE ESTUDIO DE HEPATITIS
VÍRICAS - SEIMC**

Características de GEHEP 010



- 1-Base de datos demográficos, clínicos y virológicos
- 2-Retrospectivo (1999-2016)
- 3-Condiciones de anonimato y confidencialidad (Aprobado por el CAEIG)
- 4-Abierto a servicios de microbiología y unidades de infecciosas del SNS (GEHEP/SEIMC)

Metodología de GEHEP 010

Base de datos: Contienen información de 5.420 pacientes (68% hombres y 32% mujeres), no seleccionados e infectados crónicamente con el VHB.

Genotipos y subgenotipos (Variables): Prevalencia y distribución global, características poblacionales, tendencias, vías de transmisión, coinfecciones con otros virus (VHD*, VHC y VIH), distribución geográfica, índice de biodiversidad, metodología utilizada y respuesta al tratamiento.

Limitaciones de GEHEP 010

Dificultad en la correcta determinación del subgenotipo.
Bases de datos parcialmente incompletas

ESTUDIO GEHEP 010: PARTICIPANTES



Participantes en GEHEP 010: 17 hospitales de 9 CCAA

Características de la población española autóctona infectada crónicamente por el VHB (75.7%): Edad 51 años (RIC 62-41), 69.5% hombres, 6.3% coinfectados con VIH, 3.1% con VHC, 1.7 con VHD y vía predominante de transmisión desconocida (80.0%).

Distribución de genotipos del VHB: 33.5% genotipo A (86% A2), 55.9% genotipo D (46% D4 y 34% D2), 5.6% genotipo F y 0.8% genotipo G.

RESULTADOS ESTUDIO GEHEP 010 (POBLACIÓN ESPAÑOLA AUTÓCTONA)			
	GENOTIPO A	GENOTIPO D	<i>p</i>
Sexo	Hombre	Mujer	NS
Edad	<50 años	>50 años	<0.05
Tendencias edad	Inversa %	Directa %	<0.05
Historia Natural HCB	HCB IA HBeAg+	HCB IA HBeAg-	<0.05
Presencia de HBeAg	Mayor %		<0.001
Pérdida de HBsAg	Mayor %		<0.001
Tratamiento	Mayor %		<0.001
Respuesta virológica		Mayor %	<0.001
Trasmisión vertical		Mayor %	<0.001
Coinfección VHC		Mayor %	<0.05
Coinfección VIH	Mayor %		<0.05
Levante	Mayor %		<0.001
Sur		Mayor %	<0.001

El estudio GEHEP 010 confirma que entre la población española autóctona, la distribución de genotipos del VHB varía con la edad, el sexo, en las diferentes fases de la historia natural de la HCB, en la respuesta al tratamiento y en la coinfección con el VIH y/o el VHC y también dentro de las diferentes áreas geográficas y grupos epidemiológicos.



**GRUPO DE ESTUDIO DE HEPATITIS
VÍRICAS - SEIMC**