

## **Implicaciones de los cambios poblacionales en el diagnóstico de la transmisión vertical de HIV: Prevalencia de infección HIV-1 Subtipo no B en niños infectados y país de origen de las madres de los niños expuestos a la transmisión**

C Muñoz-Almagro<sup>1</sup>, J Dominguez-Nuñez<sup>1</sup>, A Noguera<sup>2</sup>, C Moreno<sup>2</sup>, E Palacín<sup>1</sup> and C Fortuny<sup>2</sup>

Servicios de Microbiología<sup>1</sup> y Pediatría<sup>2</sup> Hospital Universitari Sant Joan de Déu. Esplugues Barcelona.

**Introducción** Las técnicas moleculares son las de elección para el diagnóstico precoz de la transmisión vertical de la infección HIV-1. La detección del DNA proviral por el test Amplicor HIV-1, (laboratorios Roche) ha sido la prueba de uso más generalizado. Este test es adecuado para la identificación del Subtipo B del HIV-1 pero puede no detectar correctamente otros Subtipos. En nuestro país, el subtipo predominante es el B, pero los cambios poblacionales de los últimos años, podría incrementar la prevalencia de otros subtipos. El estudio por secuenciación de los genes RT y proteasa es una técnica asistencial utilizada para la determinación genotípica de resistencias a los antiretrovirales. Esta secuencia puede ser utilizada sin incremento de coste para el análisis de subtipos, gracias a bases de datos públicas.

**Objetivo** Conocer la prevalencia de Subtipos no B en una población de pacientes pediátricos infectados por HIV-1. Conocer los países de origen de las madres de los niños expuestos a la transmisión vertical del virus durante el periodo 2000-2003.

**Métodos** Secuenciación de los genes de la proteasa y RT ( TrueGene HIV-1 genotyping kit, Visible Genetics, Bayer) en muestras de plasma de los pacientes pediátricos con RNA HIV-1 detectable, controlados analíticamente en el Hospital Sant Joan de Déu de Barcelona durante el año 2003. La secuencia obtenida se analizaba con fines filogenéticos utilizando el programa de SeqAnalysis de la universidad de Stanford: (<http://hivdb.stanford.edu/pages/seqAnalysis.html>). Para el estudio de procedencia geográfica se realizó encuesta clínica a todas las madres de los niños expuestos a la infección HIV atendidos en el Servicio de Pediatría del mismo Hospital durante los años 2000-2003.

**Resultados** Se analizaron 74 secuencias de 74 pacientes infectados. 70 fueron clasificadas como HIV-1 Subtipo B (94,6%). Las cuatro restantes se clasificaron como: dos subtipo recombinante AG, un subtipo F, un Subtipo A . Se controlaron 115 RN expuestos, en el 18,2 % la procedencia geográfica de la madre era externa a nuestro país.

**Conclusiones** el subtipo B continua siendo el subtipo más prevalente en nuestro medio, pero existe un elevado porcentaje (18,2 %) de niños expuestos a la infección procedentes de otros países de origen. Es necesario conocer el subtipo del virus materno para adecuar las técnicas diagnósticas de la transmisión vertical del virus. El análisis de la secuencia de los genes RT y proteasa generado en el estudio de resistencias genotípico es un método sencillo, sin coste añadido, para monitorizar la prevalencia de los diferentes subtipos