

Implementación prospectiva de un algoritmo diagnóstico descentralizado e integrado para el VIH que combina serología rápida, pruebas moleculares en el punto de atención y confirmación mediante ADN proviral en Chile.

Epidemiología y Salud Pública

Luchsinger, Alex. Hospital Clínico Universidad De Chile. Ferrer, Pablo. Hospital Clínico Universidad De Chile. Mendez, Pamela. Hospital Clínico Universidad De Chile. Ramos, Veronica. Hospital Clínico Universidad De Chile. Afani, Alejandro. Hospital Clínico Universidad De Chile. Bastias, Carla. Hospital Clínico Universidad De Chile. Santiago

Introducción. La centralización diagnóstica puede retrasar el diagnóstico e inicio de tratamiento del VIH. Las pruebas rápidas y tecnologías moleculares en el punto de atención (POC) permiten acortar estos tiempos. Evaluamos prospectivamente un algoritmo diagnóstico descentralizado e integrado para el VIH, que combina pruebas rápidas de cuarta generación, pruebas moleculares en el punto de atención, cuantificación de carga viral en laboratorio y confirmación mediante ADN proviral, en un hospital de referencia en Chile. **Materiales y métodos.** Estudio prospectivo de implementación con dos cohortes. Una cohorte de desafío operacional, 33 individuos con VIH previamente confirmado por el Instituto de Salud Pública (laboratorio de referencia chileno), con objeto de evaluar el desempeño secuencial del algoritmo. Los resultados moleculares discordantes fueron investigados mediante carga viral de VIH-1 con cobas 4800, PCR para ADN proviral y secuenciación del VIH. Una segunda cohorte prospectiva de tamizaje, 649 individuos con seroestatus para VIH desconocido, sometidos al algoritmo diagnóstico descentralizado completo. La concordancia entre las plataformas en el punto de atención y los métodos de referencia de laboratorio se evaluó mediante correlación de Pearson, regresión de Deming y análisis de Bland–Altman. **Resultados.** La concordancia analítica entre Abbott m-PIMA™ y cobas 4800 para carga viral fue alta ($n=84$; $r=0,934$; $p<0,001$), con un sesgo promedio de $0,319 \log_{10}$ copias/mL. Para CD4 ($n=146$), Pima™ CD4 mostró excelente concordancia con BD FACSCanto II ($r=0,930$; $p<0,001$), con sesgo promedio de $-8,8$ células/ μ L. En la cohorte de desafío ($n=33$), todos fueron reactivos en serología rápida; 27 (81,8%) fueron detectados por m-PIMA™, mientras 6 (18,2%) presentaron ARN plasmático < 20 copias/mL o indetectable. Los seis casos fueron confirmados mediante ADN proviral y secuenciación. En la cohorte prospectiva ($n=649$), se confirmaron 3 casos de VIH (0,46%) y 646 fueron negativos. El test rápido presentó sensibilidad, especificidad, VPP y VPN de 100% ($\kappa=1,00$). **Conclusiones.** El algoritmo diagnóstico descentralizado e integrado para VIH demostró un excelente desempeño analítico y diagnóstico. La incorporación de pruebas complementarias de ADN proviral permitió resolver exitosamente casos con concentraciones plasmáticas de ARN del VIH extremadamente bajas/indetectables, respaldando la factibilidad de implementar un diagnóstico molecular integrado del VIH en entornos de atención sanitaria descentralizados.

Archivos:

1. [grafico trabajo POC.pdf](#)