

**UNIVERSIDAD PRIVADA SAN JUAN BAUTISTA**

**ESCUELA DE POSGRADO**



**ASOCIACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA Y CARGA  
VIRAL DEL VIRUS DE LA HEPATITIS C EN PACIENTES DEL  
HOSPITAL “EDGARDO REBAGLIATI” DEL 2016 AL 2020**

**TRABAJO DE INVESTIGACIÓN  
PARA OPTAR EL GRADO ACADÉMICO DE MAESTRO EN:  
SALUD PÚBLICA**

**PRESENTADO POR LA BACHILLER  
NORMA CAROLINA TANTALEÁN BAZÁN**

**LIMA-PERÚ**

**2022**

## RESUMEN

**Objetivo:** Determinar la relación entre la variabilidad genética y la carga viral del virus de la hepatitis C en los pacientes del Hospital “Edgardo Rebagliati” del 2016 al 2020.

**Materiales y Métodos:** El diseño de la investigación fue observacional de nivel correlacional, retrospectivo y de corte transversal. Un total de 367 pacientes conformaron la muestra, se les cuantificó la carga viral por PCR en tiempo real y se realizó la genotipificación molecular mediante secuenciamiento de ADN del 2016 al 2020. Se utilizó una ficha de recolección de datos como instrumento y para la comprobación de la hipótesis se utilizó el análisis estadístico bivariado mediante el test exacto de Fisher ( $p < 0.05$ ).

**Resultados:** En nuestra muestra se identificaron cuatro genotipos mayores (1, 2, 3 y 4), siendo el genotipo 1 el predominante (90,5%); en cuanto a los subtipos, se detectó ocho subtipos, los más frecuentes fueron el subtipo 1a (75.5%), subtipo 1b (13.9%) y subtipo 2j (2.7%). Los pacientes con genotipo 2 y 3 fueron los que presentaron mayores concentraciones de carga viral; sin embargo, al realizar el análisis estadístico no se encontró una correlación significativa entre la variabilidad genética y la carga viral del VHC (Prueba exacta de Fisher=5.748,  $p=0.422$ ), ni con respecto al género y la edad.

**Conclusiones:** La variabilidad genética del VHC y la carga viral no presentaron una relación significativa entre ellas.

**Palabras clave:** variabilidad genética, carga viral, virus de la hepatitis C, genotipificación.

## ABSTRACT