

Programa Externo de Control de Calidad SEIMC

ANÁLISIS DEL CONTROL DE CARGA VIRAL VHC AÑO 2009

Madrid, 29 de julio de 2010

ÍNDICE

PRESENTACIÓN	3
1. CARACTERÍSTICAS DEL MATERIAL DE CONTROL REMITIDO	4
2. LABORATORIOS PARTICIPANTES	4
3. CRITERIOS DE EVALUACIÓN	5
4. RESULTADOS	5
4.1. Comparación de los resultados individuales con la media general.....	5
4.2. Comparación de los resultados individuales con la media de cada técnica	8
4.3. Análisis de los resultados obtenidos en la realización del genotipo del VHC....	11
5. COMENTARIOS Y CONCLUSIONES	11
6. BIBLIOGRAFÍA	12
7. AGRADECIMIENTOS	13
8. ANEXOS	14

PRESENTACIÓN

En este documento se presenta el análisis general de los resultados emitidos por los participantes en el control de carga viral de virus de la hepatitis C (VCH), así como las principales conclusiones derivadas de ellos. Como novedad respecto a ediciones anteriores de este mismo control se ha solicitado a los participantes que realicen el genotipado del VHC en uno de los dos estándares remitidos, siempre y cuando tengan disponible la técnica. Desde el programa externo de control de calidad esperamos que la información obtenida en el presente análisis cumpla las expectativas de los centros participantes.

1. CARACTERÍSTICAS DEL MATERIAL DE CONTROL REMITIDO

En este control se remitió a los distintos laboratorios participantes dos estándares de plasma congelado que habían sido analizados y valorados para la determinación de la carga viral del VHC (VHC 1/09 y VHC 2/09) y uno para genotipado del VHC (VHC 1/09). Cada estándar contenía 1,5 mL de plasma y se obtuvieron mediante una única donación de plasma de un paciente infectado por el VHC. Tras la preparación de todas las alícuotas necesarias se congelaron a una temperatura de -80°C hasta el momento del envío a cada centro participante. Éste se realizó con hielo seco para mantener las muestras congeladas hasta el momento de su procesamiento. Para la mayor fiabilidad de los datos se informaba a los participantes que las muestras permanecieran congeladas hasta el momento de su procesamiento y que antes de realizar la prueba solicitada, se agitaran en *vortex* para homogeneizarlas bien. Desde el Programa de Control se recuerda a los centros participantes que los materiales remitidos para realización de los ejercicios de intercomparación se deben tratar del mismo modo que el resto de las muestras recibidas y procesadas de forma rutinaria en los laboratorios.

En las dos muestras remitidas había un contenido conocido de ARN/mL del VHC, expresado en UI/mL. Ambos estándares habían sido analizados por tres centros de referencia distintos, que usaron métodos diferentes para realizar la detección de la carga viral. En la tabla 1 se presentan los resultados obtenidos por los laboratorios de referencia para cada estándar, y los métodos y marcas comerciales utilizadas. En esta edición no se muestran datos de referencia del sistema Cobas-Amplicor (Roche), dado el progresivo descenso del número de centros que utilizan esta técnica (en la actualidad sólo tres participantes).

Además, en el primero de los estándares (VHC-1/09), que era el que presentaba mayor carga viral, se solicitaba la realización del genotipo de VHC a todos los participantes que dispusieran de la técnica. Éste fue informado por el laboratorio que actuó de referencia como genotipo 1a y lo realizó mediante Abbott PCR *real time* HCV (Abbott Molecular Diagnostics).

Tabla 1. Resultados de los laboratorios de referencia para cada estándar y técnica^a.

Estándar	PCR-RT Abbott (LR-A)		b-DNA Siemens (LR-B)		PCR-RT Taqman Roche (LR-C)	
	UI/mL	Log ₁₀	UI/mL	Log ₁₀	UI/mL	Log ₁₀
VHC-1/09	1028538	6,01	536353	5,73	979000	5,99
VHC-2/09	1517	3,36	616	2,79	2920	3,47

^aAbreviaturas: PCR-RT (PCR *real time*), b-DNA (*branched DNA*); LR: Laboratorio de Referencia (A, B y C).

2. LABORATORIOS PARTICIPANTES

La participación en este control, al igual que sucede con el resto de controles, fue anónima y voluntaria. En el anexo 1 se muestra la relación de centros inscritos al control de carga viral VHC del año 2009. Los resultados de cada centro podían remitirse a través de la *web* del Programa de Control de Calidad SEIMC, por fax o por correo ordinario.

Por lo que respecta a las respuestas, a partir del número de UI/mL informado, el Programa procedió a calcular los logaritmos en base 10 (\log_{10}) ajustados a la segunda cifra decimal. También se ha unificado la forma de nombrar los métodos y marcas (*plantilla web*). De acuerdo con estos datos se ha realizado el presente análisis y la emisión de los correspondientes informes comparados de calidad individuales.

3. CRITERIOS DE EVALUACIÓN

Los dos estándares remitidos contenían ARN del VHC y se analizan de forma cuantitativa (\log_{10}), de dos modos diferentes:

- a) Estudio comparativo de los resultados para cada estándar con la media general, sin diferenciar la técnica utilizada: se valora si el resultado informado por cada centro para los diferentes estándares está dentro del intervalo $\pm 1,96$ desviaciones estándar (intervalo de confianza aproximado del 95%) de la media de los valores (\log_{10}) informados por los participantes, independientemente de la técnica usada. Esta forma de analizar los resultados nos permite observar la variabilidad que existe entre los laboratorios ante una misma muestra.
- b) Estudio comparativo de los resultados individuales con la media de cada técnica: se determina si el valor informado por cada centro para los diferentes estándares está dentro del intervalo de $\pm 1,96$ desviaciones estándar (intervalo de confianza aproximado del 95%) de la media \log_{10} de cada estándar por técnica. Esta medida establece la calidad del resultado emitido y permite a los laboratorios comparar sus resultados con los del resto de participantes que usan su misma técnica. Mediante este análisis se emitieron los informes comparados de resultados individuales (certificados).

En cuanto al resultado obtenido en el genotipado se compara con el aportado por el laboratorio de referencia, que es el que el programa de control ha considerado como válido.

4. RESULTADOS

El presente control fue enviado a 95 participantes (diez más que el año anterior y treinta y ocho más que en la primera edición de este control); de ellos, 89 enviaron la hoja de respuesta (93,7%), informando uno de éstos que había enviado el primero de los dos estándares a su centro de referencia para que realizara el genotipo y no había obtenido el resultado dentro del plazo de respuesta. De este modo el porcentaje de participación en el apartado de carga viral fue del 93,6% y el de participación en la detección del genotipo fue del 83,1% (74 centros). Como sucede en años anteriores, el método informado por la gran mayoría de los participantes fue la PCR-RT por el sistema Taqman® de Roche (80,9%); seguida a distancia por la PCR-RT de Abbott informada por el 9,0%, el sistema Versant® bDNA de Siemens (6,7%) y la PCR convencional realizada mediante Cobas Amplicor® de Roche (3,4%), esta última utilizada ya por muy pocos centros. En esta edición del control ningún participante informó una PCR de desarrollo propio (*in house*), a diferencia de otros años en los que un centro la realizaba. Los datos se resumen en la tabla 2.

Tabla 2. Distribución de las técnicas utilizadas por los participantes.

	PCR-RT Taqman (Roche)	PCR Cobas Amplicor (Roche)	PCR-RT (Abbott)	bDNA (Siemens)
Número	72	3	8	6
Porcentaje	80,9	3,4	9,0	6,7

Abreviaturas: PCR (reacción en cadena de la polimerasa), PCR-RT (PCR en tiempo real), bDNA (branched DNA).

4.1. Comparación de los resultados individuales con la media general

En la tabla 3 se detallan los resultados emitidos por todos los laboratorios, así como el porcentaje de los valores que se encuentra dentro del intervalo de confianza del 95%. Los

estándares cuyos resultados están dentro de los límites aceptables se resaltan en sombreado.

Tabla 3. Análisis de resultados para los distintos estándares sin diferenciar técnicas^a.

Código centro	VHC-1/09 Log ₁₀	VHC-2/09 Log ₁₀	% dentro del intervalo de aceptación
1	5,61	3,25	100%
3	5,85	3,33	100%
4	5,78	3,22	100%
7	5,72	3,20	100%
8	5,89	3,36	100%
13	5,73	2,79 ^b	50% (100% en su grupo)
16	5,68	3,32	100%
19	5,89	3,01	50%
22	5,68	3,28	100%
25	5,99	3,43	100%
28	5,91	Indetectable ^b	50%
32	5,67	3,24	100%
34	5,55	3,28	100%
37	5,67	3,21	100%
42	5,76	Indetectable ^b	50%
44	5,53	3,22	100%
51	5,75	3,33	100%
60	5,63	2,94	50%
70	5,88	3,30	100%
75	5,99	3,24	100%
79	5,91	3,40	100%
88	6,15	3,37	100%
89	6,25	3,39	50%
90	5,93	3,34	100%
108	5,84	3,35	100%
110	5,46	3,29	50% (100% en su grupo)
112	6,35	3,59	0% (50% en su grupo)
114	5,67	3,43	100%
116	5,80	3,25	100%
118	5,89	3,36	100%
121	5,08 ^b	2,74 ^b	0%
128	6,01	3,36	100%
134	5,73	3,49	100%
146	5,80	3,06	100%
148	6,02	3,36	100%
176	5,86	3,40	100%
179	5,72	3,29	100%
187	5,77	3,28	100%
189	5,56	3,40	100%
192	5,95	3,41	100%
197	5,73	2,69 ^b	50%
198	5,63	3,50	100%
203	5,63	3,23	100%
206	5,81	3,51	100%
215	5,71	3,30	100%
218	NVNR	3,40	50%
253	5,82	3,38	100%
259	5,80	3,38	100%
262	5,84	3,45	100%
265	5,83	3,32	100%

267	5,62	3,22	100%
279	5,99	3,47	100%
280	5,81	3,07	100%
281	5,59	3,26	100%
282	5,77	3,31	100%
289	5,71	3,32	100%
291	5,71	3,39	100%
305	5,95	3,24	100%
311	6,19	3,39	50%
314	6,03	3,26	100%
316	5,58	3,08	100% (50% en su grupo)
318	5,87	3,42	100%
325	5,83	3,37	100%
328	5,74	3,27	100%
331	5,72	3,32	100%
333	6,01	3,18	100%
335	5,94	3,32	100%
353	5,77	Indetectable ^b	50%
354	6,05	3,51	100%
362	5,52	3,20	100%
365	5,77	3,00	50% (100% en su grupo)
366	6,04	3,52	100%
368	6,07	3,51	100%
372	5,75	3,30	100%
376	5,57	2,94	50%
378	5,75	3,34	100%
384	5,82	3,29	100%
386	7,42 ^b	3,53	50%
388	5,70	3,23	100%
390	6,25	3,56	50%
394	5,71	3,37	100%
397	5,75	3,44	100%
451	5,77	3,22	100%
518	6,02	3,15	100%
519	5,59	3,15	100%
526	5,82	3,42	100%
529	5,79	3,32	100%
532	5,80	3,45	100%
535	6,20	3,52	50%
Media	5,82	3,32	—
Media log ±1,96 DE	6,17-5,47	3,58-3,05	—

^aAbreviaturas: NVNR (no valorable por no haberse realizado la prueba), DE: desviación estándar.

^bEliminado, según criterios de Chauvenet.

El número total de centros que tenían ambos estándares dentro del intervalo de confianza (100% concordancia) fue de 71 (79,7%), los que tenían sólo uno (50% concordancia) fueron 16 (18,0%) y en 2 ocasiones ninguno de los valores aportados se encontraba dentro del intervalo de aceptación (2,2%).

Así, del total de valores informados (n=177), 19 estaban fuera del intervalo de aceptación (10,7%); de ellos 8 (42,1%) se correspondían con el estándar VHC-1/09 (carga viral alta) y los otros 11 (57,9%) con el VHC-2/09 (carga viral baja). Tres de estos valores se informaron como carga viral indetectable (dos de ellos por el método de Taqman® de Roche y el restante por el método b-DNA), considerándose falsos negativos.

En una de las ocasiones en que ambos estándares se encuentran dentro del intervalo de aceptación, uno de ellos deja de estarlo cuando pasa a ser analizado junto con los que usan únicamente su mismo método; por esta razón el certificado emitido a este participante tiene el 50% de sus resultados fuera del intervalo. Por último, cuatro de los centros que tienen una concordancia del 50% con el intervalo calculado para la totalidad de los centros, pasan a tener una concordancia del 100,0% cuando solo se analizan junto a los utilizan su mismo método.

4.2. Comparación de los resultados individuales con la media de cada técnica

En las tablas siguientes (tablas 4 a 7) se muestran los resultados de los participantes según la técnica empleada, así como el porcentaje de los valores que se encuentra dentro del intervalo de aceptación (intervalo de confianza del 95%). Los resultados dentro de los límites aceptables se resaltan en sombreado.

De los 72 participantes que utilizaron el método PCR-RT de Taqman® (Roche), son 60 (83,3%) los que obtienen todos sus resultados dentro del intervalo de confianza (100,0%), 11 (15,3%) los que tienen el 50% de concordancia y uno (1,4%) no tiene ninguno de los dos valores dentro de dicho intervalo.

En total se informan 143 resultados, ya que un centro no emite uno de los resultados. De éstos, 12 se encuentran fuera del intervalo de aceptación (8,4%). Hay que tener en cuenta que es la técnica más utilizada por los participantes, por lo que las aproximaciones reflejan más la realidad que las restantes, que fueron empleadas por un pequeño número de participantes. En la gran mayoría de las ocasiones, se obtienen resultados dentro del intervalo aceptable.

En la distribución por estándares se observa que, 5 de los 12 (41,7%) valores que se encuentran fuera del intervalo se corresponden con el estándar VHC-1/09 (no se incluye la ocasión en que no se realizó la prueba) y los 7 restantes corresponden al estándar VHC-2/09 (58,3%), destacando que en dos de estas ocasiones no se detectó ARN viral (falsos negativos). Estos datos se muestran en la tabla 4.

Tabla 4. Resultados y análisis de los centros que usan PCR-RT Taqman (Roche)^a.

Código centro	VHC-1/09 Log ₁₀	VHC-2/09 Log ₁₀	% dentro del intervalo de aceptación
1	5,61	3,25	100%
3	5,85	3,33	100%
4	5,78	3,22	100%
7	5,72	3,20	100%
8	5,89	3,36	100%
16	5,68	3,32	100%
19	5,89	3,01	50%
22	5,68	3,28	100%
25	5,99	3,43	100%
28	5,91	Indetectable ^b	50%
32	5,67	3,24	100%
34	5,55	3,28	100%
37	5,67	3,21	100%
44	5,53	3,22	100%
51	5,75	3,33	100%
60	5,63	2,94	50%
70	5,88	3,30	100%
75	5,99	3,24	100%
79	5,91	3,40	100%
88	6,15	3,37	100%
89	6,25	3,39	50%
90	5,93	3,34	100%

108	5,84	3,35	100%
110	5,46	3,29	100%
114	5,67	3,43	100%
116	5,80	3,25	100%
118	5,89	3,36	100%
121	5,08	2,74 ^b	0%
134	5,73	3,49	100%
148	6,02	3,36	100%
176	5,86	3,40	100%
179	5,72	3,29	100%
187	5,77	3,28	100%
189	5,56	3,40	100%
192	5,95	3,41	100%
197	5,73	2,69 ^b	50%
198	5,63	3,50	100%
203	5,63	3,23	100%
206	5,81	3,51	100%
215	5,71	3,30	100%
218	NVNR	3,40	50%
253	5,82	3,38	100%
259	5,80	3,38	100%
262	5,84	3,45	100%
267	5,62	3,22	100%
279	5,99	3,47	100%
281	5,59	3,26	100%
282	5,77	3,31	100%
289	5,71	3,32	100%
311	6,19	3,39	50%
316	5,58	3,08	50%
318	5,87	3,42	100%
325	5,83	3,37	100%
328	5,74	3,27	100%
331	5,72	3,32	100%
335	5,94	3,32	100%
353	5,77	Indetectable ^b	50%
354	6,05	3,51	100%
362	5,52	3,20	100%
366	6,04	3,52	100%
372	5,75	3,30	100%
378	5,75	3,34	100%
384	5,82	3,29	100%
386	7,43 ^b	3,53	50%
388	5,70	3,23	100%
394	5,71	3,37	100%
397	5,75	3,44	100%
451	5,77	3,22	100%
519	5,59	3,15	100%
526	5,82	3,42	100%
529	5,79	3,32	100%
535	6,20	3,52	50%
Media	5,78	3,33	—
Media log ±1,96 DE	5,42-6,15	3,10-3,55	—

^aAbreviaturas: NVNR (no valorable por no haberse realizado la prueba), DE: desviación estándar.

^bEliminado, según criterios de Chauvenet.

Los tres participantes que realizan una PCR convencional por la técnica de Cobas-Amplicor® (Roche) informan un total de 6 valores; todos ellos dentro del intervalo de confianza del 95% (tabla 5).

Tabla 5. Resultados y análisis de los centros que usan Cobas Amplicor (Roche)^a.

Código centro	VHC-1/09 Log ₁₀	VHC-2/09 Log ₁₀	% dentro del intervalo de confianza
265	5,83	3,32	100%
291	5,71	3,39	100%
532	5,80	3,45	100%
Media	5,78	3,39	—
Media log ±1,96 DE	5,91-5,65	3,52-3,26	—

^aAbreviaturas: DE: desviación estándar.

En la tabla 6 se muestran los resultados obtenidos para el método PCR-RT de Abbott Molecular. Los ocho centros que usan este método informan un total de 16 valores; de los cuales 14 se encuentran dentro del intervalo de confianza del 95% (87,5%). Los dos valores que quedan fuera del intervalo (12,5%) se corresponden con el estándar de mayor carga viral (VHC-1/09). En total 6 de los 8 centros obtienen todos los resultados dentro del intervalo de confianza (75,0%).

Tabla 6. Resultados y análisis de los centros que usan el método PCR-RT (Abbott)^a.

Código centro	VHC-1/09 Log ₁₀	VHC-2/09 Log ₁₀	% dentro del intervalo de confianza
112	6,35 ^b	3,59	50%
128	6,01	3,36	100%
305	5,95	3,24	100%
314	6,03	3,26	100%
333	6,01	3,18	100%
368	6,07	3,51	100%
390	6,25	3,56	50%
518	6,02	3,15	100%
Media	6,05	3,36	—
Media log ±1,96 DE	6,24-5,86	3,70-3,01	—

^aAbreviaturas: DE: desviación estándar. ^bEliminado, según criterios de Chauvenet.

Los seis laboratorios que emplean la técnica de b-DNA (Siemens) informan un total de 12 valores; de los cuales, 10 se sitúan dentro del intervalo de confianza del 95% (83,3%). En cuanto a los dos valores discrepantes, uno se corresponde con el estándar VHC-1/09 y el otro con el VHC-2/09 (falso negativo). En total 4 de los 6 centros obtienen todos los resultados dentro del intervalo de confianza (66,7%). Los datos se muestran en la tabla 7.

Tabla 7. Resultados y análisis de los centros que usan b-DNA (Siemens)^a.

Código centro	VHC-1/09 Log ₁₀	VHC-2/09 Log ₁₀	% dentro del intervalo de confianza
13	5,73	2,79	100%
42	5,76	Indetectable ^b	50%
146	5,80	3,06	100%
280	5,81	3,07	100%
365	5,77	3,00	100%
376	5,57 ^b	2,94	50%

Media	5,77	2,97	—
Media log $\pm 1,96$ DE	5,71-5,84	2,75-3,19	—

^aAbreviaturas: DE: desviación estándar. ^bEliminado, según criterios de Chauvenet.

4.3. Análisis de los resultados obtenidos en la realización del genotipado del VHC.

De los 89 participantes que contestaron al control, realizaron esta determinación 73 (82,0%). El 79,4% de éstos informó un genotipo 1a, coincidente con el valor aportado por el laboratorio de referencia, el 16,4% informó como genotipo 1, el 2,7% como 1a/1b y el 1,4% como genotipo 1b. El método que se utilizó de forma mayoritaria por los centros participantes fue la hibridación inversa, seguido de la secuenciación. La marca comercial más empleada fue Siemens, que dispone de reactivos tanto para la realización de una hibridación inversa como para una secuenciación. Cabe destacar que todos los centros que utilizaron los reactivos de PCR-RT de Abbott informaron correctamente el genotipo (1a) y que todos los que realizaron hibridación inversa de Roche solo informaron genotipo 1. Los datos se resumen en la tabla 8.

Tabla 8. Resultados de estudio de genotipo del estándar VHC-1/09.

Método	Marca	^a Gen. 1	^a Gen. 1a	^a Gen.1a/1b	^a Gen. 1b	Total ^b
HI	INNOLiPA HCV (Siemens)	3 (6,7)	41 (91,1)	1 (2,2)	-	45 (61,6)
	Linear array HCV (Roche)	9 (100,0)	-	-	-	9 (12,3)
PCR-RT	Abbott RT HCV	-	5 (100,0)	-	-	5 (6,8)
Secuen.	Trugene (Siemens)	-	6 (85,7)	-	1 (14,3)	7 (9,6)
	Desarrollo propio	-	3 (100,0)	-	-	3 (4,1)
	No especificado	-	1 (50,0)	1 (50,0)	-	2 (2,7)
RFLP	Desarrollo propio	-	2 (100,0)	-	-	2 (2,7)
Total	-	12 (16,4)	58 (79,4)	2 (2,7)	1 (1,4)	73 (100,0)

^aEntre paréntesis % respecto a los centros que realizan su mismo método y marca. ^bEntre paréntesis % respecto al total de centros participantes. Abreviaturas: Gen. (genotipo), HI (hibridación inversa), Secuen. (secuenciación), RFLP (polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción).

5. COMENTARIOS Y CONCLUSIONES

- El método de PCR-RT comercializado por la firma Roche (Taqman®) se confirma como el más usado por los participantes para realizar la detección de carga viral del VHC, pasando del 66,1% de uso en 2006 al 80,9% actual. Además, el número de valores que se encuentran fuera del intervalo de aceptación se mantiene estable respecto a años anteriores (10,2% en 2006, 5,4% en 2007, 12,9% en 2008 y 8,4% en 2009).
- Se detecta una disminución importante de centros que realizan la técnica de Cobas-Amplicor (Roche) respecto a la primera edición de este control, pasando de un porcentaje de uso en 2006 del 15,2% al 3,4% informado en el presente control.
- Los métodos Cobas Amplicor®, PCR-RT Abbott y b-DNA Siemens son usados por pocos participantes, por lo que los datos de que disponemos deben valorarse prudentemente.

- d) Ningún centro realizó técnicas de desarrollo propio para determinar la carga viral del VHC.
- e) Como en otras ocasiones, fueron muchos los participantes cuyos resultados se encontraban dentro de los límites aceptados para los dos estándares, probablemente debido al amplio margen de aceptación.
- f) Fueron 2 los participantes que obtuvieron ambos valores fuera del intervalo de confianza; uno de ellos cuando se compara con todos los participantes (todas las técnicas) y cuando sólo se compara con los de su mismo método (PCR-RT de Roche), y el otro únicamente cuando se compara con el grupo completo, ya que cuando se analiza con los de su mismo método tiene el 50% de los valores dentro del intervalo (PCR-RT Abbott).
- g) En tres ocasiones los participantes no detectan carga viral en el segundo estándar (VHC-2/09), que era el que presentaba menor carga viral (falsos negativos), dos de las veces utilizan el método Taqman (Roche) y en la restante bDNA (Siemens). Estos resultados erróneos (falsos negativos) pueden ser considerados como excepcionales, aunque nos deben llamar la atención y, a los participantes implicados a la reflexión, dada su transcendencia.
- h) Desde un punto de vista de la valoración general de los resultados, los aquí presentados deben ser considerados como aceptables y coherentes con lo esperado. No obstante, es importante que los laboratorios, de forma individual, mantengan un alto grado de vigilancia sobre la calidad de sus resultados en el día a día y, en caso necesario, introduzcan las medidas correctoras oportunas.
- i) Los resultados obtenidos en la presente edición del Programa muestran la utilidad de los programas de intercomparación externos en las distintas facetas de la Microbiología Clínica, y resaltan la conveniencia de continuar en una línea que la SEIMC considera prioritaria para sus objetivos profesionales.

6. BIBLIOGRAFÍA

1. Orta N, Guna MR, Latorre JC, Pérez JL, Gimeno C. Análisis de resultados del Programa de Control de Calidad Externo de Carga Viral del VIH-1 y del VCH, año 2006. *Enferm Infecc Microbiol Clin.* 2007; 25(Supl 3): 8-13.
2. Orta N, Guna MR, Latorre JC, Ovies M, Pérez JL, Gimeno C. Análisis de resultados del Programa de Control de Calidad Externo de Carga Viral del VIH-1 y del VCH, año 2007. *Enferm Infecc Microbiol Clin.* 2008; 26(Supl 13): 8-13.
3. Orta N, Guna MR, Latorre JC, Ovies M, Pérez JL, Gimeno C. Análisis de resultados del Programa de Control de Calidad Externo de Carga Viral del VIH-1 y del VCH, año 2008. *Enferm Infecc Microbiol Clin.* 2010; 28 (Supl 1): 7-11.
4. Programa de Control de Calidad SEIMC (accedido 25 Jun 2010). Disponible en: www.seimc.org/control/index.asp

7. AGRADECIMIENTOS

El Programa de Control de Calidad SEIMC desea manifestar su agradecimiento a las siguientes personas por su colaboración en la obtención y caracterización del material:

- Dr. Abelardo Caballero y Dra. Pilar Blanc, Servicio de Microbiología, Hospital Materno-Infantil Carlos-Haya, Málaga.
- Dr. Roberto Roig, Dr. José Villalba, Dr. Manuel Álvarez. Centro de Transfusiones de la Comunidad Valenciana, Valencia.
- Dra. Aurora Casanova, Dr. Jordi Niubò y Dr. Rogelio Martín, Servicio de Microbiología, Hospital Universitario de Bellvitge, Hospitalet, Barcelona.
- Dra. Dolores Ocete, Servicio de Microbiología, Consorcio Hospital General Universitario, Valencia.

8. ANEXOS

ANEXO 1. Laboratorios participantes en el control de carga viral VHC. Año 2009.

Hospital/Institución	Servicio/Unidad	Población
Hospital Torrecardenas	Microbiología	Almería
Hospital Universitario de Puerto Real	Microbiología	Puerto Real (Cádiz)
Hospital Infanta Elena	Microbiología	Huelva
Hospital General Universitario de Alicante	Microbiología	Alicante
Hospital Materno-Infantil Carlos Haya	Microbiología	Málaga
Hospital de Valme	Microbiología	Sevilla
Hospital Universitario Joan XXIII	Biología Molecular / Análisis Clínicos	Tarragona
Hospital Costa del Sol	Microbiología	Marbella (Málaga)
Hospital Miguel Servet	Microbiología	Zaragoza
Hospital San Jorge	Microbiología	Huesca
Hospital Cabueñes	Microbiología	Gijón (Asturias)
Hospital Central de Asturias	Microbiología	Oviedo (Asturias)
Hospital San Agustín	Microbiología	Avilés (Asturias)
Hospital SES de Mérida	Microbiología	Mérida (Badajoz)
Hospital 12 de Octubre	Microbiología	Madrid
Hospital Universitario Marqués de Valdecilla	Microbiología	Santander (Cantabria)
Hospital El Bierzo	Microbiología	Ponferrada (León)
Hospital Santa Bárbara	Microbiología	Soria
Hospital Virgen de la Concha	Microbiología	Zamora
Hospital Universitario Río Hortega	Microbiología	Valladolid
Hospital General de Ciudad Real	Análisis Clínicos	Ciudad Real
Consorti Hospitalari de Vic	Microbiología	Vic (Barcelona)
Hospital Virgen de la Luz	Microbiología	Cuenca
Laboratorio de Referencia de Cataluña	Patología Infecciosa	El Prat de Llobregat (Barcelona)
Hospital de la Santa Cruz y San Pablo	Microbiología	Barcelona
Hospital San Juan de Dios	Microbiología	Esplugues de Llobregat (Barcelona)
Hospital San Pedro	Microbiología	Logroño (La Rioja)
Corporació Sanitaria Parc Taulí	Microbiología	Sabadell (Barcelona)
Hospital Universitario San Cecilio	Microbiología	Granada
Hospital Universitario Santa Cristina	Microbiología	Madrid
Hospital Universitario de Bellvitge	Microbiología	L'Hospitalet de Llobregat (Barcelona)
Hospital Dr. Josep Trueta	Laboratori Clínic	Girona
Hospital Clínic	Microbiología	Barcelona
Hospital de Granollers	Bioquímica	Granollers
Complejo Hospitalario de Orense	Microbiología	Orense
Hospital do Meixoeiro	Microbiología	Vigo (Pontevedra)
Hospital Juan Canalejo	Microbiología	A Coruña
Hospital Arquitecto Marcide	Microbiología/Serología/B iología Molecular	Ferrol (La Coruña)
Hospital Universitario de Getafe	Microbiología	Getafe (Madrid)
Hospital Universitario de la Princesa	Microbiología	Madrid
Hospital Gregorio Marañón	Microbiología	Madrid
Hospital Clínico San Carlos	Microbiología	Madrid
Hospital Universitario Puerta de Hierro	Microbiología	Majadahonda (Madrid)
Hospital Universitario Príncipe de Asturias	Microbiología	Alcalá de Henares (Madrid)
Hospital Universitario de Móstoles	Microbiología	Móstoles (Madrid)
Hospital J.M. Morales Meseguer	Microbiología	Murcia
Clínica Universitaria de Navarra	Microbiología	Pamplona (Navarra)
Hospital Donostia – Osakidetza	Microbiología	San Sebastián (Guipúzcoa)
Hospital de Cruces	Microbiología	Barakaldo (Bizkaia)
Hospital de Galdakao	Microbiología	Galdakao (Bizkaia)
Consortio Hospital General Universitario de Valencia	Microbiología	Valencia
Hospital Arnau de Vilanova	Microbiología	Valencia
Hospital Universitario Dr. Peset	Microbiología	Valencia

Hospital/Institución	Servicio/Unidad	Población
Hospital General Universitario de Elche	Microbiología	Elche (Alicante)
Instituto Valenciano de Microbiología	Microbiología	Bétera (Valencia)
Laboratorio de Análisis Dr. Echevarne	Virología Molecular- Microbiología	Barcelona
GENYCA INNOVA	Genética Molecular	Madrid
Hospital Universitario Puerta del Mar	Microbiología	Cádiz
Hospital Universitario Nuestra Señora de la Candelaria	Microbiología	Santa Cruz de Tenerife
Hospital Virgen de la Victoria	Microbiología	Málaga
Hospital Severo Ochoa	Microbiología	Leganes (Madrid)
Complejo hospitalario Xeral-Calde	Microbiología	Lugo
Complejo hospitalario Pontevedra	Microbiología	Pontevedra
Hospital Clínico Universitario de Valencia	Microbiología	Valencia
Laboratorio General Lab	Microbiología	Barcelona
Hospital Virgen de las Nieves	Microbiología	Granda
Hospital Universitario Reina Sofía	Microbiología	Córdoba
Balague Center, S.A.	Biología Molecular	L'Hospitalet de Llobregat (Barcelona)
Hospital Universitario La Paz	Microbiología	Madrid
Hospital Universitario Son Dureta	Microbiología	Palma de Mallorca
Hospital Universitario Ramón y Cajal	Microbiología	Madrid
Hospital Universitario Insular de Gran Canaria	Microbiología	Las Palmas de Gran Canaria
Hospital del SAS de Jerez	Microbiología	Jerez (Cádiz)
Hospital Universitario de la Ribera	Microbiología	Alcira (Valencia)
Fundación Hospital Alcorcón	Área Laboratorio	Madrid
Hospital Universitario Germans Trias i Pujol	Microbiología	Badalona (Barcelona)
Laboratorio Cerba Internacional	Biología Molecular	Sabadell
Hospital General de Castellón	Microbiología	Castellón
Hospital Universitario Vall d'Hebron	Microbiología	Barcelona
Hospital Universitario Virgen de la Arrixaca	Microbiología	El Palmar (Murcia)
Hospital de Basurto	Microbiología	Bilbao
Hospital Universitario Virgen del Rocío	Microbiología	Sevilla
Hospital La Merced	Análisis Clínicos	Osuna (Sevilla)
Hospital Universitario Dr. Negrín	Microbiología	Las Palmas G. Canaria
Hospital General Yagüe	Análisis Clínicos	Burgos
Hospital Universitario de Guadalajara	Microbiología	Guadalajara
Hospital Ntra. Sra. Del Prado	Microbiología	Talavera de la Reina (Toledo)
Hospital La Mancha Centro	Microbiología	Alcázar de San Juan (Ciudad Real)
CATLAB (Egara Laboratorios)	Microbiología	Viladecavalls (Barcelona)
Hospital La Fe	Microbiología	Valencia
Hospital Infanta Cristina	Microbiología	Badajoz
Reference Laboratory	Microbiología	Barcelona
Hospital Son Llatzer	Microbiología	Palma de Mallorca
Hospital Clínico Universitario de Zaragoza	Microbiología	Zaragoza
Hospital San Pedro de Alcántara	Microbiología	Cáceres