



MINISTERIO
DE CIENCIA E
INNOVACIÓN

INSTITUTO DE SALUD CARLOS III

Área de Comunicación y Divulgación

Un estudio del ISCIII analiza las características genéticas del virus de la hepatitis E en España

- Un equipo del Centro Nacional de Microbiología del ISCIII ha publicado en 'Eurosurveillance' una investigación en torno a la evolución genética del virus de la hepatitis E en España entre 2009 y 2019, que revela la distribución geográfica y temporal del virus y de sus variantes. Los resultados confirman la relevancia de la vigilancia genómica y epidemiológica.

11 de julio de 2022. Un equipo de investigadoras del Centro Nacional de Microbiología (CNM) del ISCIII han publicado [un artículo en la revista Eurosurveillance](#), perteneciente al Centro Europeo para la Prevención y el Control de Enfermedades (ECDC), en el que examinan la distribución geográfica en España del virus de la hepatitis E y revelan los resultados del análisis filogenético de sus genotipos y variantes.

La Unidad de Hepatitis del Laboratorio de Referencia e Investigación en España para el estudio de la hepatitis, que se encuentra en el CNM-ISCIII, ha llevado a cabo esta investigación, que ha analizado desde un punto de vista filogenético los genotipos, subtipos y principales linajes del VHE encontrados en España desde 2009 hasta 2019, revelando su distribución geográfica y temporal, su difusión y su evolución genética. Las investigadoras de la Unidad de Hepatitis del CNM-ISCIII Milagros Muñoz-Chimeno y Ana Avellón son las principales firmantes del trabajo, en el que han colaborado diversos hospitales españoles.

Para este estudio se han investigado más de 400 muestras positivas del virus, recibidas en el Laboratorio de Referencia del CNM-ISCIII, lo que supone un 8% del total de muestras analizadas en el laboratorio. De este total, el 72% se secuenció. Las autoras señalan que la proporción anual de muestras positivas secuenciadas es mayor en los dos últimos años de estudio, 2018 y 2019.

Las investigadoras han descubierto que el subtipo HEV-3f, presente en todas las comunidades autónomas españolas, es el dominante (88,3%) en España, con un nivel de incidencia que apenas ha variado en el tiempo. Por primera vez se han podido caracterizar tres subclusters del virus, denominados HEV-3f-B, HEV-3f-A1 y HEV-3f-A2, que se suman a otro descrito recientemente, el HEV-3m, que es el segundo más común en España, con una frecuencia superior al 7%. Dentro de este linaje se han identificado otros dos subclusters, HEV-3m-A, que circula en España desde 2010, y HEV-3m-B, que circula desde 2014. El tercer subtipo más común en España es el llamado HEV-3c (4,1%), y su proporción no ha aumentado con el tiempo, al contrario de lo observado en otros países europeos como Alemania, Reino Unido o Francia.

La importancia epidemiológica y de salud pública de la vigilancia de la circulación de los distintos subtipos del HEV-3 está aún por evaluar, pero se ha sugerido que la aparición de nuevos subtipos o subclusters podrían relacionarse con el aumento del número de infecciones, debido a una posible mayor susceptibilidad de la población a las nuevas variantes. Esta posibilidad, junto al estudio global del virus, pone de manifiesto la importancia de la vigilancia genética y epidemiológica de los nuevos subtipos, como el recientemente descrito HEV-3m, que surgió en España en 2011 y cuya presencia parece estar aumentando.

Impulsar la vigilancia genómica y la caracterización epidemiológica exhaustiva de los casos clínicos puede facilitar el seguimiento del virus, identificar mejor las fuentes de transmisión y contribuir a establecer medidas más eficaces de control a nivel nacional e internacional.



Información general sobre el virus de la hepatitis E

La infección por el virus de la hepatitis E (VHE), que es endémico en muchas regiones de Asia, Oriente medio, norte de África y América central, supone una enfermedad emergente en España. Aunque su incidencia es difícil de valorar por no ser considerada enfermedad de declaración obligatoria, los [resultados de la encuesta nacional de prevalencia](#) indican que el 12% de la población ha contactado con el virus en España, una tendencia creciente que también se observa en muchos países europeos.

El virus es El VHE pertenece a la familia *Hepeviridae*, es la causa más frecuente de hepatitis aguda en el mundo y puede infectar tanto a seres humanos como a animales (cerdos, jabalíes, ciervos, roedores...), por lo que se considera una zoonosis. Hasta ahora se han descrito ocho genotipos del VHE, cinco de los cuales (HEV-1, 2, 3, 4 y 7) infectan a las personas. Los genotipos 3 y 4 zoonóticos son frecuentes en países desarrollados y la vía de transmisión es el consumo de carne cruda o poco cocinada de animales infectados, con el cerdo como la mayor fuente de transmisión. La hepatitis E no suele ser grave y tiene una mortalidad muy baja, pero puede causar enfermedad crónica o incluso la muerte en personas inmunodeprimidas.

- **Referencia del artículo:** Muñoz-Chimeno Milagros, Bartúren Silvia, García-Lugo Maira Alejandra, Morago Lucia, Rodríguez Álvaro, Galán Juan Carlos, Pérez-Rivilla Alfredo, Rodríguez Mercedes, Millán Rosario, del Álamo Manuel, Alonso Roberto, Molina Laura, Aguinaga Aitziber, Avellón Ana. Hepatitis E virus genotype 3 microbiological surveillance by the Spanish Reference Laboratory: geographic distribution and phylogenetic analysis of subtypes from 2009 to 2019. *Euro Surveill.* 2022;27(23):pii=2100542. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2022.27.23.2100542>.