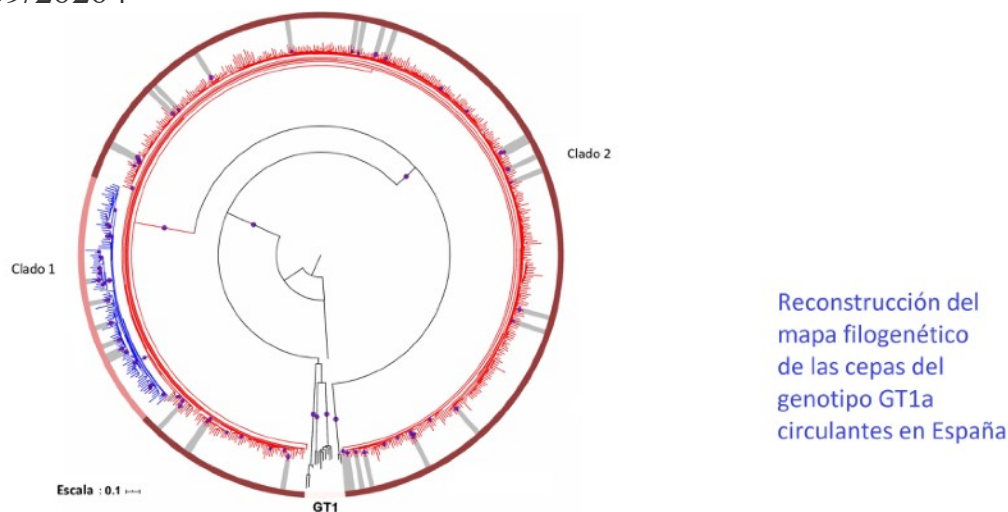


Primer mapa filogenético en España del genotipo más común del virus de la hepatitis C

| 07/09/2020 |



El clado 2 del genotipo más común del virus de la hepatitis C en España es el que más distribuido está entre la población (figura: Scientific Reports).

Un equipo de científicos del Laboratorio de Hepatitis Virales en el Centro Nacional de Microbiología del ISCIII ha publicado la primera descripción del origen, epidemiología, transmisión y diversidad en España del genotipo más común del virus de la hepatitis C (VHC), lo que permite explicar las diferentes resistencias al tratamiento con los nuevos antivirales de acción directa según el tipo de virus que causa la infección.

El estudio, [que se ha publicado en Scientific Reports](#), ha estudiado mediante una encuesta y análisis genómicos a 588 pacientes con el genotipo 1^a de la hepatitis C en España, incluyendo personas coinfectadas con VIH. Se conocen hasta ocho genotipos ('tipos' de virus con características genéticas diferentes) del virus de la hepatitis C, uno de los que mayor variabilidad genética muestra, y entre ellos el GT1a es el más común entre los afectados. Además, también es el más común entre los pacientes con VHC coinfectados con VIH.

- [Consulta el estudio completo, publicado en Scientific Reports](#)

La infección por el VHC es la mayor causa de mortalidad en España entre las enfermedades infecciosas. El genotipo 1 es responsable del 67% de infecciones y, dentro de éstas, el genotipo 1a es el más común y es responsable del 40%. Gracias a análisis genómicos y filogenéticos, el equipo del Laboratorio de Hepatitis Virales del

CNM-ISCIIII, liderado por Verónica Briz, ha descubierto que el clado II del VHC es mucho más prevalente que el clado I (82,3% y 17,7%, respectivamente).

Los clados son como 'familias' dentro de los virus, que muestran diferentes mutaciones y que ayudan a explicar su origen, distribución e influencia. La investigación también demostró que el clado II tiene un origen más antiguo (se estima que surgió hacia 1912) que el clado I (su origen se calcula hacia 1952). El trabajo, en el que también participan científicos de la Universidad de Lisboa, señala que el clado II está epidémicamente en declive, mientras que el clado I muestra una presencia estable.

El estudio ha hallado hasta 58 sustituciones asociadas a resistencia al tratamiento con nuevos antivirales de acción directa en la proteína viral NS5A, la diana a la que se dirigen muchos de estos fármacos aparecidos en los últimos años, como elbasvir, el más estudiado por el equipo liderado por Briz. Los resultados muestran que hay trece regiones genéticas en las que se observan importantes porcentajes de resistencia frente a las nuevas terapias (entre el 5 y el 15%), y otra región en la que esta resistencia es aún mayor (del 20%).



Daniel Valle Millares; Irene Mate Cano; Verónica Briz Sebastián; Celia Crespo Bermejo; Paula Martínez Román y Sonia Arca de Lafuente, del Laboratorio de Hepatitis Virales del CNM, en una foto de archivo de principios de año.

Polimorfismos genéticos para clasificar pacientes

Los autores han localizado más de 13.000 mutaciones distintas, de las que 8.602 se consideran polimorfismos, que permiten esbozar una clasificación de pacientes según el tipo de virus, genotipo y clado responsable de la infección, y establecer cómo son las resistencias al tratamiento según el tipo de nuevo antiviral y las características genéticas de cada infección.

Epidémicamente hablando, la presencia del genotipo GT1a del VHC actualmente en España corresponde al clado I, que muestra diferentes rutas de diseminación geográfica en comparación con las del clado II. Además, las resistencias a los tratamientos muestran diferencias relacionadas con esta diferente distribución de los clados del VHC, lo que podría definir patrones de eficacia terapéutica de los nuevos antivirales según las características genéticas de la infección por VHC que sufra cada paciente.

En definitiva, el estudio aporta el primer mapa de la distribución y variabilidad genética del genotipo más común del VHC en España, un conocimiento que, si se desarrolla, puede facilitar la selección de tratamientos según las características genómicas de la infección viral.

- **Referencia del estudio:** Palladino, C., Ezeonwumelu, I.J., Mate-Cano, I., Borrego, P., Martínez-Román P., Arca-Lafuente S., Resino S., Taveira N., Briz V. Epidemic history and baseline resistance to NS5A-specific direct acting drugs of hepatitis C virus in Spain. *Sci Rep* 10, 13024 (2020). <https://doi.org/10.1038/s41598-020-69692-7>.