

Un equipo del ISCIII publica un estudio sobre las características genéticas y la distribución en España del virus del sarcoma de Kaposi

27/10/2022



David Tarragó y María Pérez-Vázquez, autores del estudio, en uno de los espacios del Centro Nacional de Microbiología del ISCIII.

Un equipo del Centro Nacional de Microbiología (CNM) del Instituto de Salud Carlos III (ISCIII) acaba de publicar [un artículo en la revista PLOS ONE](#) en el que presenta los resultados de un estudio de epidemiología molecular en torno al herpesvirus 8, causante del Sarcoma de Kaposi. La investigación revela la distribución en España y su diversidad genética, señala que la infección podría estar infradiagnosticada y sugiere valorar cribados para poblaciones de riesgo. **María Dolores Pérez-Vázquez, Inmaculada Gómez y David Tarragó** del CNM-ISCIII, son los principales autores del trabajo.

- [Consulta el artículo completo](#)

El virus herpes 8 causa el sarcoma de Kaposi, un tipo de cáncer que provoca lesiones cutáneas y que en sus formas más graves se relaciona con afectaciones gastrointestinales y pulmonares. El virus del sarcoma de Kaposi es principalmente conocido por su frecuente asociación con el VIH, a pesar de que el sarcoma puede tener orígenes diversos. Los autores de la investigación señalan que se trata de un virus mucho más prevalente de lo que suele conocerse, que circula en la población general a menudo de una manera silente, que tiene diferentes características genéticas dependiendo de su distribución geográfica, y que tanto la irrupción del sida, como la generalización de los trasplantes de órganos y los movimientos poblacionales en las últimas décadas, han producido cambios en su expansión e incidencia.

La investigación publicada en PLOS ONE analiza datos de 142 pacientes infectados con el virus del sarcoma de Kaposi y distintas patologías de base, y ha identificado hasta 12 subtipos diferentes del virus. Dos de estos subtipos, denominados E1 y E2, se han localizado por primera vez en este estudio circulando en pacientes que viven en Europa. Con la información genética obtenida, se han realizado análisis filogenéticos que han permitido establecer un primer mapa de la distribución de los subtipos circulantes en España, y poner estos datos en contexto con la distribución a escala mundial.

Relación con otras enfermedades

David Tarragó e Inmaculada Gómez, principales autores del trabajo, explican que tener este conocimiento "es muy importante ya que, recientemente, se han descrito asociaciones de algunos subtipos con un desarrollo más virulento del Sarcoma de Kaposi y otras enfermedades". Según añaden, implantar de manera sistemática la determinación del subtipo de virus, sobre todo en grupos de riesgo, podría facilitar el seguimiento y manejo del virus y la enfermedad.

Los resultados señalan que los genotipos A y C del virus eran los mayoritarios y representaban, respectivamente, el 55,6% y el 42,3% de las cepas estudiadas. En cuanto a los subtipos, el 25,4% de las cepas eran C3 y el 19,7% eran A3, con los subtipos A5, C2, A1, A4, C1, A2, C7 como más minoritarios. La Comunidad de Madrid, de la que procedían el 52,1% de los pacientes estudiados, mostró una distribución de subtipos significativamente diferente en comparación con las demás: los subtipos B1, E1 y E2 aparecían de forma esporádica, aunque en general los genotipos A y el subtipo C3

siguieron siendo los más frecuentes, con el subtipo A3 como el que presentó la mayor diversidad según el número de clusters localizados en el análisis filogenético.

Por lo general, las diferencias halladas en las cargas virales entre genotipos no fueron estadísticamente significativas, aunque la comparación entre los subtipos C2 y C3 sí mostraron diferencias más relevantes. Las diferencias entre la distribución de subtipos del virus entre los pacientes con sarcoma de Kaposi y pacientes sin el cáncer tampoco fueron estadísticamente significativas.

- **Referencia del artículo:** *Gómez I, Pérez-Vázquez MD, Tarragó D (2022) Molecular epidemiology of Kaposi sarcoma virus in Spain. PLoS ONE 17(10): e0274058.*
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0274058>.