

## Premio Nobel de Medicina 2020 para los científicos que descubrieron el virus de la hepatitis C

Puerro-Vicente M.F.<sup>1</sup>

*Sanid. mil. 2020; 76 (4): 211-212, ISSN: 1887-8571*

La Asamblea Nobel del Instituto Karolinska de Estocolmo ha concedido a los científicos Harvey J. Alter, Michael Houghton y Charles M. Rice, el Premio Nobel de Medicina 2020 por su meritoria y decisiva contribución en la identificación del virus causante de la hepatitis C.

La concesión de éste premio a tres virólogos, es un estímulo más a la intensa investigación que actualmente se está llevando a cabo a nivel mundial por la actual pandemia de origen vírico.

Tras el descubrimiento de los virus de la hepatitis A (aislado en 1979) y B (descubierto en 1965), quedaban aún sin explicación la mayoría de los casos de hepatitis transmitida por la sangre, por lo que el descubrimiento del virus de la hepatitis C reveló la causa de los casos restantes de hepatitis crónica y posibilitó el desarrollo de nuevos medicamentos que han salvado millones de vidas, según se destacó en el propio acto de comunicación del premio, al tratarse de un importante problema de salud mundial que causa cirrosis y cáncer de hígado en personas de todo el mundo y, se han eliminado esencialmente las hepatitis postransfusionales.

Existe ahora la esperanza de que la enfermedad se puede curar, y de que incluso se pudiera erradicar el virus de la hepatitis C de la población mundial, y la Organización Mundial de la Salud (OMS) fijó el horizonte 2030 a nivel mundial para poner fin a la hepatitis C. Sin embargo, para lograr este objetivo, se necesitarán esfuerzos internacionales para facilitar los análisis de sangre pertinentes y conseguir que los medicamentos antivirales estén disponibles en todo el mundo, tarea difícil de conseguir. No obstante, se piensa que en nuestro país este objetivo pueda ser alcanzado antes incluso de esa fecha.

Gracias a sus investigaciones se han desarrollado test sanguíneos altamente sensibles para la detección del virus y diversos medicamentos específicos que posibilitan una gran tasa de curación.

Los tres científicos tienen, como no podía ser de otra manera, una larga trayectoria profesional investigadora:

Harvey J. Alter nació en 1935 en Nueva York, recibió su título de médico en la Facultad de Medicina de la Universidad de Rochester y se formó en medicina interna en el Strong Memorial Hospital y en los University Hospitals of Seattle. En 1961, se unió a los Institutos Nacionales de Salud (NIH) como asociado clínico y pasó varios años en la Universidad de Georgetown. Después, en 1969 se unió al Departamento de Medicina Trans-

fusional del Centro Clínico como investigador principal. El Instituto Karolinska de Estocolmo ha valorado su contribución en los estudios metódicos de la hepatitis asociada a transfusiones.

Michael Houghton nació en el Reino Unido y se doctoró en 1977 del King's College London. Se unió a GD Searle & Company antes de mudarse a Chiron Corporation, Emeryville, California en 1982. Años más tarde, en 2010, se fue a la Universidad de Alberta. Actualmente es Cátedra de Investigación de Excelencia de Canadá en Virología y Profesor de Virología Li Ka Shing en la Universidad de Alberta. Allí también es Director del Instituto de Virología Aplicada Li Ka Shing. Para la concesión del premio se han valorado los estudios que le llevaron a utilizar una estrategia no probada hasta entonces, para aislar el genoma del nuevo virus, al que denominó virus de la hepatitis C.

Charles M. Rice nació en 1952 en Sacramento y recibió su doctorado en 1981 del Instituto de Tecnología de California. Lugar en el que también se formó como becario postdoctoral entre 1981-1985. Después, estableció su grupo de investigación en la Facultad de Medicina de la Universidad de Washington, St. Louis en 1986 y se convirtió en profesor titular en 1995. Desde 2001 ha sido profesor en la Universidad Rockefeller, en Nueva York. Durante 2001-2018 fue director científico y ejecutivo del Centro para el Estudio de la Hepatitis C en la Universidad Rockefeller, donde permanece activo. Su contribución ha consistido en proporcionar la evidencia final que muestra que el virus de la hepatitis C por sí solo podría causar hepatitis.

Según la Organización Mundial de la Salud, se estima que 71 millones de personas padecen infección crónica por virus de la hepatitis C, y un significativo número de ellas desarrollarán cirrosis o cáncer hepático.

Aunque seamos optimistas, en este campo de la hepatitis C quedan aún muchas incógnitas que revelar.

Sin ir más lejos, en fechas recientes la revista *Scientific Reports* ha publicado la investigación de un equipo de científicos del Laboratorio de Hepatitis Virales en el Centro Nacional de Microbiología del Instituto de Salud Carlos III (ISCIII) liderado por la Dra. Verónica Briz, que describe, por primera vez en España, el origen, epidemiología, transmisión y diversidad del genotipo más común del virus de la hepatitis C (VHC). La descripción del mapa filogenético en esta investigación permite explicar las diferentes resistencias al tratamiento con los nuevos antivirales de acción directa según el tipo de virus de la hepatitis C que causa la infección<sup>1</sup>.

Han estudiado mediante una encuesta y análisis genómicos a 588 pacientes con el genotipo de la hepatitis C en España, incluyendo personas coinfectadas con VIH. Se conocen hasta ocho tipos de virus con características genéticas diferentes del virus de la hepatitis C, uno de los que mayor variabilidad genética muestra. Entre ellos está el GT1a, el más común entre los afectados.

<sup>1</sup> Dr. Miguel Puerro Vicente. Teniente Coronel Médico (Retirado). Profesor Titular Universidad de Alcalá de Henares.

Recibido: 29 de octubre de 2020

Aceptado: 10 de noviembre de 2020

doi: 10.4321/S1887-85712020000400001

## EDITORIAL

También es el más común entre los pacientes con VHC coinfectados con VIH.

El genotipo uno causa el 67% de las infecciones y, dentro de este genotipo, el GT1a es el más común y es el responsable del 40%. Mediante análisis genómicos y filogenéticos, el equipo del Laboratorio de Hepatitis Virales del CNM-ISCIH, ha descubierto que el clado II del VHC es mucho más prevalente que el clado I, en una proporción de 82,3% y 17,7%, respectivamente.

Debemos aclarar que 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, mientras que el clado I, surgiría 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. Esta es la diana a la que se dirigen muchos de estos fármacos aparecidos en los últimos años. 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%. Incluso, hay otra región en la que esta resistencia alcanza el 20%.

Los autores han localizado más de 13.000 mutaciones distintas, de las que 8.602 se consideran polimorfismos. Estos, permiten

esbozar una clasificación de pacientes según el tipo de virus, genotipo y clado responsable de la infección. También hace posible 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. Ésta 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. Así, este hecho 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, tenemos que felicitar a la Ciencia con mayúsculas en general y, a todos estos investigadores en particular, por estos importantes pasos que afortunadamente están poniendo al alcance de la sociedad la posibilidad de curación real de una enfermedad hasta ahora incurable.

### BIBLIOGRAFÍA

1. López-Huertas MR., Palladino C., Garrido-Arquero M., Esteban-Cartelle B., Sánchez-Carrillo M., Martínez-Román P., et al. HCV-coinfection is related to an increased HIV-1 reservoir size in cART-treated HIV patients: a cross-sectional study. *Sci Rep.* 2019 Apr 3;9(1):5606. doi: 10.1038/s41598-019-41788-9. Disponible en: [https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6447590/pdf/41598\\_2019\\_Article\\_41788.pdf](https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6447590/pdf/41598_2019_Article_41788.pdf)

---

### NOTA DEL COMITÉ DE REDACCIÓN

Observado error tipográfico en el Editorial del Volumen 76, número 2, página 55, cuarto párrafo, donde dice epidemia de Gripe A H5N1, debe decir epidemia de Gripe A H1N1.