

## Diagnósticos

# Combinación de polimorfismos genéticos para predecir la respuesta al tratamiento en pacientes infectados con el virus de la hepatitis c

Un grupo de investigación del Sistema Sanitario Público de Andalucía (SSPA), en colaboración con la Universidad de Jaén, ha desarrollado un método para predecir la respuesta al tratamiento con interferón pegilado y ribavirina en pacientes infectados con el Virus de la Hepatitis C (HCV, por sus siglas en inglés).

Oficina de  
**TRANSFERENCIA  
DE TECNOLOGÍA**  
Sistema Sanitario Público de Andalucía



## Descripción

La infección con el HCV incrementa la biosíntesis de lípidos y su almacenaje en los hepatocitos, contribuyendo a una esteatosis hepática asociada a este virus, a la hipobetalipoproteinemia y una resistencia a la insulina. El ensamblaje del virus de la hepatitis C está muy relacionado con la síntesis de proteínas de baja densidad (VLDL) y la ruta secretora.

Por otro lado, los tratamientos combinados basados en interferón pegilado y ribavirina presentan fuertes efectos adversos y poseen un alto coste por paciente. Sin embargo, la tasa media de eficacia alcanza solo un 50-60%. Por lo tanto, una predicción preliminar basada en datos de carácter genético permitiría una selección más exacta de aquellos pacientes que presenten mejores pronósticos.

Por lo tanto, existe una necesidad médica de desarrollar un nuevo método predictivo para pacientes con HCV que pudiera permitir identificar a aquellos pacientes más propensos a responder a una terapia combinada con interferón pegilado y ribavirina.

La presente tecnología se basa en un profundo análisis sobre los genes involucrados en las rutas de transporte del colesterol, en una completa cobertura de los polimorfismos de un solo nucleótido de los genes LDLR y en el hecho de que no existen previos estudios que establezcan una asociación entre LDLR y el pretratamiento con carga viral (VL, por sus siglas en inglés).

El estudio poblacional se realizó en un total de 442 pacientes infectados con HCV.



## Ventajas

Las principales ventajas son:

1. Pronóstico de respuesta al tratamiento de terapia combinada en pacientes con HCV.
2. Posibilidad de identificar nuevas dianas para drogas antivirales.
3. Los polimorfismos genéticos de los genes LDLR resultan útiles como biomarcadores para predecir los genotipos de infección 1, 2, 3 y 4 del HCV, o cualquiera de sus combinaciones.



## Propiedad Industrial/Intelectual

Esta tecnología está protegida mediante solicitud de patente española.



## Objetivos

El grupo de investigación busca un acuerdo de licencia de explotación y/o colaboración.



## Clasificación

Área: Diagnóstico

Patología: Autoinmune e Inflamación / Enfermedades Infecciosas