

Diagnóstico

Biomarcador para predecir o pronosticar el riesgo a infectarse del virus de la hepatitis C

Un grupo de investigación del Sistema Sanitario Público de Andalucía en colaboración con la Universidad de Jaén, ha identificado una variante alélica del gen LDLRAP1 asociada a la baja susceptibilidad a la infección por hepatitis C, pudiendo ser utilizado como biomarcador para predecir o pronosticar el riesgo de un individuo a infectarse por este virus.

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



Descripción

Una proporción pequeña de los individuos expuestos al virus de la hepatitis C (VHC) no se infectan. Se ha observado que el perfil lipídico de los individuos infectados por el VHC es distinto de aquellos que eliminan la viremia, ya sea espontáneamente o bien después de la terapia antiviral. A pesar de ello, se han realizado pocos estudios genéticos en este contexto. Específicamente, se ha informado la asociación de los polimorfismos rs5925 y rs1042034, dentro de los genes LDLR y APOB respectivamente, con resistencia a la infección por el VHC, pero ninguno de ellos ha sido validado hasta el momento.

Actualmente los tratamientos contra el VHC son muy eficaces, sin embargo, su coste y duración son barreras para la implantación de medidas globales para la eliminación de este agente infeccioso. Además, la erradicación total solo será posible si se adoptan medidas preventivas de la infección. Por ello, el desarrollo de nuevas estrategias para el manejo del VHC debería basarse en medidas tanto preventivas como terapéuticas que sustituyan o complementen los tratamientos actuales.

En este contexto, nuestro grupo ha evaluado marcadores genéticos de genes involucrados en el metabolismo lipídico. De forma específica, ha identificado un alelo del gen LDLRAP1 asociado con una baja susceptibilidad a la infección por VHC y una baja expresión del ARNm de LDLRAP1. Este estudio se ha realizado en 1.006 pacientes infectados crónicamente por VHC y 2.153 controles poblacionales y 30 individuos expuestos al virus que no se infectan. Por tanto, la determinación de la presencia de este alelo mediante técnicas convencionales permitiría predecir o pronosticar el riesgo de un individuo expuesto a la infección por el virus VHC, lo cual ayudaría a establecer estrategias preventivas y/ o terapéuticas adecuadas.



Ventajas

1. Permite estratificar y clasificar sujetos en función de su riesgo a infectarse por VHC lo cual ayuda a diseñar nuevas estrategias terapéuticas y preventivas contra esta enfermedad.
2. Este biomarcador podría utilizarse como posible diana terapéutica. El hecho de que existan de forma natural mutaciones en este gen que anulan su función sin que los individuos portadores tengan comprometida de forma grave su vida, indica que el producto proteico del mismo puede ser inhibido farmacológicamente de forma transitoria sin peligro.



Propiedad intelectual

Esta tecnología está cubierta por una solicitud de patente española con la posibilidad de extensión internacional.



Objetivos

Búsqueda de socios interesados en una licencia y/ o acuerdo de colaboración para desarrollar y explotar esta tecnología innovadora.



Clasificación

Área: Diagnóstico

Patología: Enfermedades Infecciosas y Microbiología