

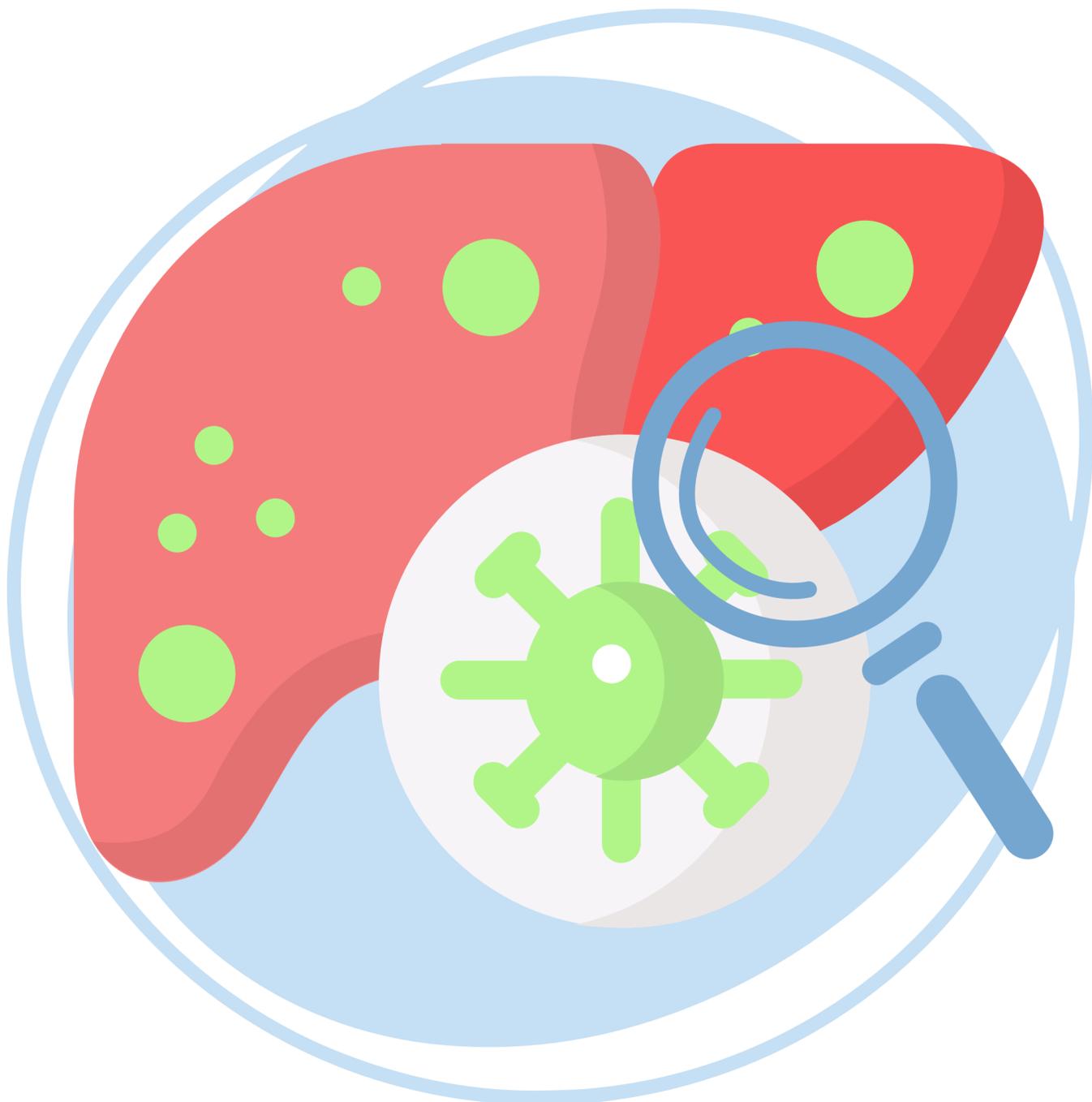


DIAGNÓSTICA JR
Especialistas por salud

VIRUS DE HEPATITIS C

Genotipificación

JR-007





¿Qué es?

El virus de Hepatitis C (HCV) es un virus de la Familia Flaviviridae, del género Hepacivirus. Este es un virus envuelto de 30-60 nm de tamaño, su genoma es RNA de polaridad positiva que codifica una poliproteína de ~3000 aminoácidos que, después de ser procesada, produce 10 proteínas virales maduras. Este virus infecta, principalmente, a los hepatocitos (células del hígado) y el humano, es su reservorio natural.

La infección por este virus causa Hepatitis aguda; los signos y síntomas de la infección aparecen entre las 2-26 semanas después de la exposición al virus. Entre las manifestaciones clínicas que se pueden presentar en esta etapa de la enfermedad son: ictericia, náuseas, fatiga, dolor o malestar en la parte superior derecha del abdomen y/o dolor de articulaciones. Después de la infección aguda (> 26 semanas), alrededor del 50-80% de los infectados, desarrollan hepatitis crónica; cabe mencionar que, estos pacientes, tienen mayor riesgo de desarrollar fibrosis hepática, cirrosis o carcinoma hepatocelular (HCC). Se sabe que, 1 de cada 5 pacientes con hepatitis crónica, desarrolla cirrosis en un periodo de 10-30 años, en su mayoría varones de entre 40-55 años, con coinfección por HIV y que consumen alcohol. (Li y Lo, 2015; Manns y otros, 2017; Chen y Morgan, 2006).

Algunos de los factores de riesgo que han sido asociados con la infección por el virus de la hepatitis C son:

- Uso de drogas intravenosas
- Transfusiones sanguíneas
- Transmisión vertical
- Transmisión sexual
- Transmisión nosocomial
- Comorbilidades
- Infección por HIV o HBV

(Elvia, 2008).

La secuencia del genoma viral es altamente heterogénea, la acumulación de variaciones en su material genético, ha resultado en la diversificación del virus. A la fecha se han identificado al menos 6 genotipos diferentes (1-6), del virus de Hepatitis C; difiriendo entre sí en el 30-50% de su secuencia nucleotídica. A su vez, cada genotipo es dividido en muchos subtipos (designados a, b, c, etc.), que son diferentes en el 15-30% de su secuencia. Cabe mencionar que la prevalencia de los genotipos y subtipos de HCV es geográficamente diferente. (Cai, Zhao y, 2013).

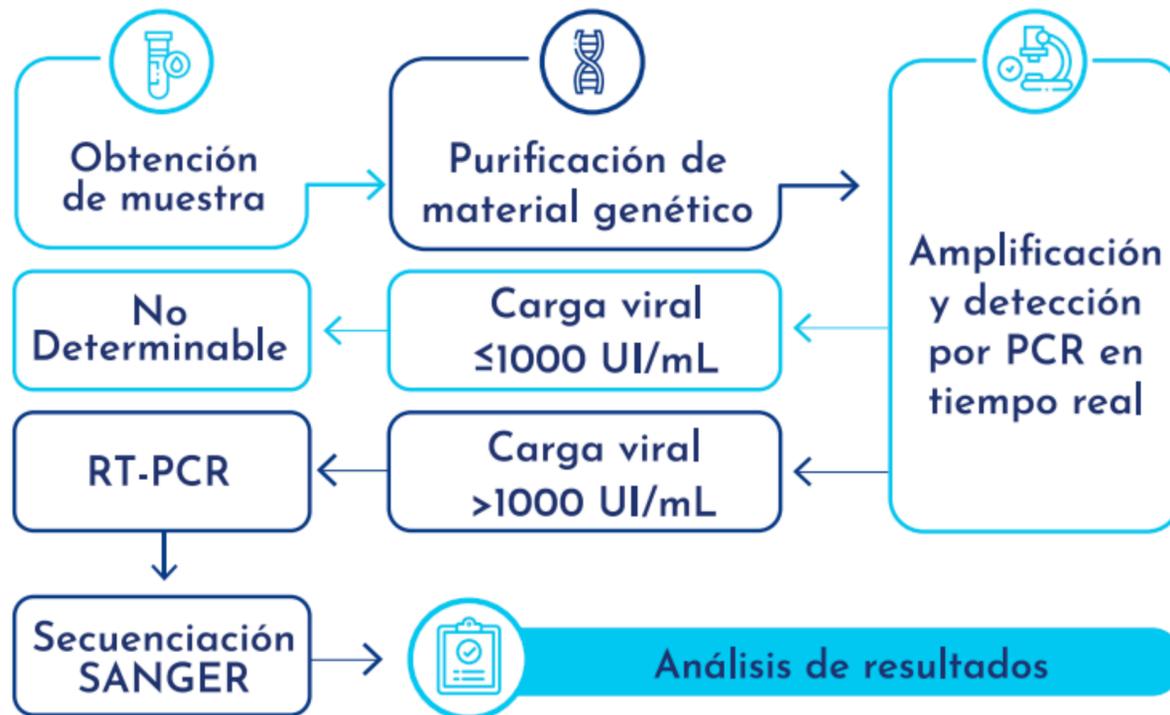
El genotipo 1 es el más prevalente en el mundo (46% de los casos), seguido por el genotipo 3 y el genotipo 2. El genotipo 4 se distribuye en Medio Oriente y África del Norte; mientras que, los genotipos 5 y 6, se localizan en Sudáfrica y Asia. Es bien sabido que los genotipos son diferentes en su infectividad y patogenicidad, lo que resulta en respuestas diferenciales al tratamiento antiviral. Por ejemplo, los genotipos 1 y 4 son más resistentes a las terapias basadas en interferones que los genotipos 2 y 3 (Li y Lo, 2015). Por lo anterior, la genotipificación del virus de Hepatitis C proporciona al médico la información sobre el tipo de HCV que afecta al paciente para que, basado en esta información, pueda otorgar el tratamiento antiviral adecuado, previniendo la progresión de la enfermedad y la dispersión viral.

¿Por qué es importante realizar este examen?

La hepatitis C es una enfermedad del hígado cuya gravedad varía entre una dolencia leve que dura algunas semanas (infección aguda), hasta una enfermedad grave de por vida (infección crónica) como: fibrosis hepática, cirrosis o hepatocarcinoma. Por otro lado, el genotipo del HCV, es determinante en cuanto a la elección de la terapia antiviral; ya que, algunos genotipos responden mejor a la terapia basada en interferones (genotipos 2 y 3) que otros (genotipos 1 y 4). Por ello, el conocimiento del genotipo de HCV que está causando la infección en el paciente, proporciona al médico la información necesaria para la elección adecuada del tratamiento antiviral y la duración del mismo



¿Cuál es el procedimiento para la genotipificación del virus de Hepatitis C?



¿Cuál es el tipo de muestra recomendado para realizar este examen?

La genotipificación del virus de Hepatitis C se realiza a partir de una muestra de Plasma-EDTA. Es importante mencionar que, la muestra, debe ser colectada en un tubo tipo vacutainer de tapa lila con EDTA-K2, como anticoagulante. El plasma debe ser separado de la fracción celular y trasvasado a un tubo nuevo estéril, debidamente etiquetado, antes de las 6 h de la extracción de la sangre para minimizar el riesgo de degradación del RNA viral.

IMPORTANTE: Para poder realizar la secuenciación, la muestra biológica debe tener una carga viral de al menos: 1000 copias/mL.

¿Cuál es el método que se utiliza para la genotipificación del virus de Hepatitis C?

Este examen está basado en la transcripción inversa del RNA viral para obtener cDNA; el cual, servirá de molde en la amplificación previa a la secuenciación. En esta reacción se amplifican 374 pb de la región 5'UTR del genoma del virus de hepatitis C, mediante el uso de primers de secuencia específicos. El producto de la amplificación es secuenciado mediante el método de Sanger; el cual, consiste en el uso de ddNTP's (dideoxynucleótidos), marcados fluorescentemente; los cuales, carecen del 3'-OH, de modo que su incorporación a la cadena de DNA creciente detiene la incorporación del siguiente nucleótido. Por lo tanto, en el tubo de reacción se tendrán fragmentos de DNA blanco de distintas longitudes. Cuando la reacción termina, los fragmentos se hacen pasar por una matriz de gel, en un proceso llamado electroforesis capilar. El equipo de secuenciación, mediante un láser, detecta el fluoróforo de cada fragmento y dicha señal es interpretada por el equipo en forma de un pico en un electroferograma (Fig. 1). Finalmente, el equipo de secuenciación proporciona un archivo en formato ".ab1" con la secuencia obtenida.



¿Aún tienes dudas sobre el examen?



Contacta a nuestros asesores comerciales y solicita una asesoría personalizada.

Referencias

1. Cai, Q; Zhao, Z; Liu, Y; Shao, X y Gao, Z. (2013). Comparison of three different HCV genotyping methods: core, NS5B sequence analysis and line probe assay. *International journal of molecular medicine*, 31(2): 347-352.
2. Chen, S y Morgan, T. (2006). The natural history of hepatitis C virus (HCV) infection. *International journal of medical sciences*, 3(2): 47.
3. Elvia, J. (2008). La hepatitis C y el laboratorio clínico. *Revista Mexicana de Patología Clínica y Medicina de Laboratorio*, 55(4): 187-200.
4. Qiagen. (2019). Handbook artus® HCV QS-RGQ kit.
5. Li, H y Lo, S. (2015). Hepatitis C virus: Virology, diagnosis and treatment. *World journal of hepatology*, 7(10): 1377.
6. Manns, M; Buti, M; Gane, E; Pawlotsky, J; Razavi, H; Terrault, N y Younossi, Z. (2017). Hepatitis C virus infection. *Nature reviews Disease primers*, 3(1): 1-19.
7. Spearman, C; Dusheiko, G; Hellard, M y Sonderup, M. (2019). Hepatitis C. *The Lancet (London, England)*, 394(10207): 1451–1466. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(19\)32320-7](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(19)32320-7)
8. Virtanen, E; Mannonen, L; Lappalainen, M y Auvinen, E. (2018). Geno-typing of hepatitis C virus by nucleotide sequencing: A robust method for a diagnostic laboratory. *MethodsX*, 5: 414-418.
9. Hepatitis. En: <https://asscat-hepatitis.org/datos-y-cifras-de-la-hepatitis-c-segun-la-organizacion-mundial-de-la-salud-oms/>. Consultado el 27 de junio de 2022.
10. Hepatitis C. En: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/hepatitis-c>. Consultado el 27 de junio de 2022.



DIAGNÓSTICA JR
Especialistas por salud

Asistencia comercial

WhatsApp 



55 4527 5331

Síguenos en redes



[dimo.jr](#)



[SoyDimoJR](#)



[Laboratorio Diagnóstica JR](#)

Dirección:

Av. de las torres Mz 20, Lt. 5 Col. San Juan Joya, C.P
09839, Alcaldía Iztapalapa, Ciudad de México.