

## Restos de ADN permiten rastrear la historia evolutiva de la hepatitis B

Un equipo internacional de investigadores ha analizado restos fósiles de ADN humano para realizar un seguimiento del posible origen del virus de la hepatitis B. Los hallazgos desvelan que su propagación geográfica y evolución están estrechamente relacionadas con la dinámica de la población humana y las migraciones. Los expertos han observado además que una cepa prehistórica ha resurgido en la actualidad.

Alicia Moreno

7/10/2021 20:00 CEST



Un científico toma muestras de ADN antiguo en un diente en el laboratorio del Instituto Max Planck para la Ciencia de la Historia Humana. / Raffaella Bianco

El **virus de la hepatitis B** (VHB) es un importante problema de salud en todo el mundo, ya que causa cerca de un millón de muertes al año. Estudios recientes han demostrado que el VHB lleva milenios infectando a los humanos, pero su diversidad y rutas de dispersión en el pasado son todavía grandes desconocidas.

Ahora, una investigación llevada a cabo por un equipo internacional de

expertos aporta nuevos e importantes datos sobre la historia evolutiva del virus tras analizar **restos fósiles** de ADN humano. Los resultados, publicados en la revista [Science](#), concluyen que el ancestro común de las cepas actuales y antiguas data de entre 20.000 y 12.000 años.

---

El ancestro común de las cepas actuales y antiguas del virus de la hepatitis B apareció hace entre 20.000 y 12.000 años

“Es probable que el virus ya estuviera presente en los seres humanos en esa época, pero no podemos decir con certeza si estaba antes. Necesitamos realizar más estudios para averiguar si ha infectado a los humanos desde los orígenes de nuestra especie o si se introdujo poco antes a través de un contagio de otro animal”, explica a Sinc **Arthur Kocher**, autor principal e investigador del [Instituto Max-Planck para la Ciencia de la Historia Humana](#).

Los resultados revelan las rutas de diseminación y los cambios en la diversidad viral, así como patrones inesperados y conexiones con el presente. Según los autores, el origen de la hepatitis B en el ser humano es sorprendentemente reciente, ya que se inició en el **Pleistoceno** y dio lugar a un conjunto de linajes que se extendieron por Eurasia para llegar finalmente a África y Oceanía, así como a otro que se extendió posteriormente a las Américas.

La hepatitis B es una enfermedad que es transmitida por los humanos. Por ello, la propagación geográfica y su evolución están estrechamente relacionadas con la **dinámica de la población humana** y las migraciones.

---

La propagación geográfica y la evolución del VHB están estrechamente relacionadas con la dinámica de la población humana y las migraciones

“La aparición de la agricultura en Europa se debe en gran medida a la

migración de personas genéticamente diferentes de los anteriores cazadores-recolectores europeos. Estas poblaciones propagaban los agentes patógenos que portaban”, añade Kocher.

Los autores rastrearon la diversidad y la propagación de las variantes del virus con ADN viral extraído de los **restos óseos** de 137 individuos euroasiáticos y nativos americanos datados entre 10.500 y 400 años atrás.

## Dispersión por Europa y América

Según los investigadores, el virus estaba presente en amplias zonas de Europa hace 10.000 años, antes de que se extendiera la agricultura en el continente. “Se cree que muchos patógenos humanos surgieron tras la introducción de la agricultura, pero el VHB ya afectaba claramente a las poblaciones prehistóricas de cazadores-recolectores”, afirma **Johannes Krause**, director del departamento de Arqueogenética del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva.

Tras la transición **neolítica** en Europa, las cepas del VHB que portaban los cazadores-recolectores fueron sustituidas por nuevas que probablemente propagaron los primeros agricultores del continente, reflejando la gran afluencia genética asociada a la expansión de los grupos agrícolas en la región.

---

Las cepas que portaban los cazadores-recolectores fueron sustituidas por nuevas que, a su vez, fueron propagadas por los primeros agricultores del continente

Los nuevos linajes virales prevalecieron en toda Eurasia occidental durante cerca de 4.000 años. El dominio de estas variantes perduró hasta la expansión de los pastores esteparios occidentales hace unos 5.000 años, que alteró drásticamente el **perfil genético** de los europeos, pero que sorprendentemente no se asoció a la propagación de nuevas variantes del VHB.

El virus de la hepatitis B presenta actualmente nueve **genotipos**, dos de los

cuales se encuentran predominantemente en poblaciones de ascendencia nativa americana. Estas últimas aparecieron hace 9.000 años, indican los autores. Gracias al estudio, se ha observado que descienden de un grupo que se separó al final del Pleistoceno y que fue portado por algunos de los primeros habitantes de las Américas.

“Nuestros datos sugieren que todos los genotipos conocidos del VHB descienden de una cepa que estaba infectando a los ancestros de los primeros americanos y a sus parientes euroasiáticos más cercanos alrededor de la época en que estas poblaciones divergieron”, afirma **Denise Kühnert**, investigadora del Grupo de Transmisión, Infección, Diversificación y Evolución del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva.

## El resurgir de una variante prehistórica

Uno de los hallazgos más sorprendentes del estudio es la **repentina disminución de la diversidad del VHB** en Eurasia occidental durante la última mitad del segundo milenio a.C., una época de grandes cambios culturales, incluido el colapso de las grandes sociedades de la Edad de Bronce en la región oriental del Mediterráneo.

“Esto podría apuntar importantes cambios en la dinámica epidemiológica en una región muy extensa durante este periodo, pero necesitaremos más investigaciones para entender lo que ocurrió”, afirma Kocher.

---

La mayoría de las antiguas variantes euroasiáticas desaparecieron hace unos 3.300 años, sin embargo, el genotipo G ha persistido y aumentado considerablemente su propagación

La mayoría de las antiguas variantes euroasiáticas desaparecieron hace unos 3.300 años, pero los investigadores descubrieron que una cepa antigua, conocida como **genotipo G**, ha persistido y aumentado su propagación recientemente. Esta se ha encontrado sobre todo en pacientes seropositivos, y su creciente prevalencia coincide con la pandemia del VIH.

“De momento no sabemos realmente por qué este genotipo parece ser el único que persistió a través del tiempo, y no sabemos exactamente por qué parece haber resurgido durante la pandemia del VIH, pero esperamos que la investigación futura nos ayude a entender esto”, concluye el autor principal.

**Referencia:**

Kocher et al. “Ten millennia of hepatitis B virus evolution”. [Science](#). 2021

Copyright: **Creative Commons**.

## TAGS

HEPATITIS B | VHB | VIRUS | HISTORIA | EVOLUCIÓN |

**Creative Commons 4.0**

You can copy, distribute and transform the contents of SINC. [Read the conditions of our license](#)