

València, 23.07.13

La comunitat científica avala la investigació de la Universitat de València en el cas Maeso

- Els investigadors Fernando González i Andrés Moya van demostrar que l'anestesista Juan Maeso havia estat el focus de transmissió d'un virus de l'hepatitis C en evolució a 275 pacients, per la qual cosa va estar condemnat a entrar en presó fa sis anys. Els resultats de la prova pericial determinant es publiquen ara a la revista *BMC Biology*.

Sis anys després de la condemna de l'anestesista valencià Juan Maeso per haver estat el focus de transmissió a 275 pacients del virus de l'hepatitis C (VHC), els científics de la Universitat de València que van aportar la prova pericial determinant per a la condemna han publicat els resultats de la seua investigació a la revista *BMC Biology*. D'aquesta manera, després de respectar les exigències judicials quant a la disponibilitat de les dades, la comunitat científica internacional ha avalat el treball innovador desenvolupat des de l'Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva del Parc Científic. En la preparació de l'article també han participat investigadors del Centre Superior d'Investigació en Salut Pública (FISABIO) de la Generalitat Valenciana.

Un grup d'investigadors de la Universitat de València, liderats pel catedràtic de Genètica Fernando González, va demostrar a través d'un anàlisi filogenètic que els virus d'hepatitis C de 275 pacients infectats provenien d'un mateix focus, el virus que portava l'anestesista Juan Maeso. Els científics van comprovar, mitjançant una rigorosa anàlisi estadística, quins dels possibles afectats pel VHC l'havien rebut de l'anestesista i quins no, la qual cosa va suposar l'exclusió del procés judicial de 47 persones afectades perquè la seua infecció amb el virus procedia d'altres fonts desconegudes. A més a més, "fent ús de tècniques avançades d'anàlisi evolutiva, vam poder comprovar quina va ser la data més probable d'infecció de cada afectat, amb una coincidència de vora el 95% amb les dates assignades de forma independent per la fiscalia", assevera Fernando González.

A banda de la complexitat derivada del tractament judicial i del gran nombre de mostres i seqüències amb les qual es va completar el treball, Fernando González argumenta que una dificultat afegida va derivar-se de la contínua evolució del virus al sí de la font al llarg del període de deu anys en què es va estimar la duració del brot, des que va ser infectat Juan Maeso i va cessar la seua activitat

professional al descobrir-se. Igual que el virus de la SIDA (VIH), el VHC “evoluciona amb gran velocitat, fins i tot, dins d’un mateix individu”. D’aquesta manera, com exposa González, “en poc de temps poden trobar-se poblacions virals ben diferenciades malgrat el seu origen comú. El resultat, en aquest cas, va ser que pràcticament la totalitat dels afectats eren portadors de virus diferents, no exactament iguals als trobats a la font de la qual tots ells derivaven”.

La publicació d’aquesta investigació en una revista científica d’impacte, tot i el retard per la complexitat exigida pels tribunals i els requeriments del mètode científic, és “molt rellevant”, segons el científic de la Universitat de València, perquè “l’escrutini de la comunitat científica és encara més complex que el judicial”. Aquesta publicació a *BMC Biology* “permet incorporar l’anàlisi epidemiològic molecular i d’evolució en l’àmbit pericial-penal”, conclou.

Com a continuació d’aquesta investigació, l’equip de Fernando González -actualment a la Unitat Mixta Genòmica i Salut creada per la Universitat de València i el Centre Superior d’Investigació en Salut Pública (FISABIO)- ha incorporat l’anàlisi evolutiva a l’estudi de bacteris i virus patògens d’impacte en salut pública, com ara el bacteri *Legionella pneumophila*, responsable dels nombrosos brots i casos de legionel·losi a Alcoi i altres localitats de la Comunitat Valenciana, o els virus de la grip, la SIDA i diferent tipus d’hepatitis. Així, els avanços en tècniques genòmiques i de seqüenciació a gran escala, juntament amb l’anàlisi bioinformàtica, són traslladats directament a aplicacions pràctiques en la vigilància epidemiològica i el control de brots i infeccions.

***Molecular evolution in court: Analysis of a large hepatitis C virus outbreak from an evolving source.* Fernando Gonzalez-Candelas, Maria A Bracho, Borys Wróbel, Andrés Moya. (*BMC Biology* 11:76).**

València, 23.07.13

La comunidad científica avala la investigación de la Universitat de València en el caso Maeso

- Los investigadores Fernando González y Andrés Moya demostraron que el anestesista Juan Maeso había sido el foco de transmisión de un virus de la hepatitis C en evolución a 275 pacientes, por lo que fue condenado a entrar en prisión hace seis años. Los resultados de la prueba pericial determinante se han publicado ahora en la revista *BMC Biology*.

Seis años después de la condena del anestesista valenciano Juan Maeso por haber sido el foco de transmisión a 275 pacientes del virus de la hepatitis C (VHC), los científicos de la Universitat de València que aportaron la prueba pericial determinante para la condena han publicado los resultados de su investigación en la revista *BMC Biology*. De este modo, después de respetar las exigencias judiciales en cuanto a la disponibilidad de los datos, la comunidad científica internacional ha avalado el trabajo innovador desarrollado desde el Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva del Parc Científic. En la preparación del artículo también han participado investigadores del Centro Superior de Investigación en Salud Pública (FISABIO) de la Generalitat Valenciana.

Un grupo de investigadores de la Universitat de València, liderados por el catedrático de Genética Fernando González, demostró a través de un análisis filogenético que los virus de hepatitis C de 275 pacientes infectados provenían de un mismo foco, el virus que traía el anestesista Juan Maeso. Los científicos comprobaron, mediante un riguroso análisis estadístico, cuáles de los posibles afectados por el VHC lo habían recibido del anestesista y cuáles no, lo cual supuso la exclusión del proceso judicial de 47 personas afectadas porque su infección con el virus procedía de otras fuentes desconocidas. Además, "haciendo uso de técnicas avanzadas de análisis evolutivo, pudimos comprobar cuál fue la fecha más probable de infección de cada afectado, con una coincidencia de casi el 95% con las fechas asignadas de forma independiente por la fiscalía", asevera Fernando González.

Además de la complejidad derivada del tratamiento judicial y del gran número de muestras y secuencias con las cuales se completó el trabajo, Fernando González argumenta que una dificultad añadida se derivó de la continua evolución del virus en el seno de la fuente a lo largo del periodo de diez años en que se estimó la duración del brote, desde cuando fue infectado Juan Maeso y cesó su actividad

profesional al descubrirse. Igual que el virus del SIDA (VIH), el VHC “evoluciona con gran velocidad, incluso, dentro de un mismo individuo”. De este modo, como expone González, “en poco de tiempo pueden encontrarse poblaciones virales muy diferenciadas a pesar de su origen común. El resultado, en este caso, fue que prácticamente la totalidad de los afectados eran portadores de virus diferentes, no exactamente iguales a los encontrados en la fuente de la cual todos ellos derivaban”.

La publicación de esta investigación en una revista científica de impacto, a pesar del retraso por la complejidad exigida por los tribunales y los requerimientos del método científico, es “muy relevante”, según el científico de la Universitat de València, porque “el escrutinio de la comunidad científica es todavía más complejo que el judicial”. Esta publicación en *BMC Biology* “permite incorporar el análisis epidemiológico molecular y de evolución en el ámbito pericial-penal”, concluye.

Como continuación de esta investigación, el equipo de Fernando González - actualmente en la Unidad Mixta Genómica y Salud creada por la Universitat de València y el Centro Superior de Investigación en Salud Pública (FISABIO)- ha incorporado el análisis evolutivo al estudio de bacterias y virus patógenos de impacto en salud pública, como por ejemplo la bacteria *Legionella pneumophila*, responsable de los numerosos brotes y casos de legionelosis en Alcoi y otras localidades de la Comunitat Valenciana, o los virus de la gripe, el SIDA y diferentes tipos de hepatitis. Así, los avances en técnicas genómicas y de secuenciación a gran escala, junto con el análisis bioinformático, son trasladados directamente a aplicaciones prácticas en la vigilancia epidemiológica y el control de brotes e infecciones.

Molecular evolution in court: Analysis of a large hepatitis C virus outbreak from an evolving source. Fernando Gonzalez-Candelas, Maria A Bracho, Borys Wróbel, Andrés Moya. (BMC Biology 11:76).