

Mutaciones ligadas a resistencia a drogas antirretrovirales y perfiles de cuasiespecies en pacientes VIH-1 Positivos con falla de tratamiento en una muestra de Venezuela

Bouchard Pereira, Morella
Cristina¹; Moreno,
Melcena²; Castro, Erika²;
Echerverría, Gloria³;
Deibis, Leopoldo³

¹Instituto de Inmunología de la ULA; ²Instituto de Biomedicina; ³Instituto de Inmunología UCV, Venezuela

Estudiamos el subtipo viral y las mutaciones ligadas a resistencia (MLR) a inhibidores de transcriptasa reversa (ITR) e inhibidores de proteasa (IPr) en pacientes VIH positivos con falla de tratamiento. La muestra consistió en 20 pacientes con infección crónica en tratamiento con HAART y en falla virológica. Brevemente, el ADN proviral extraído de células mononucleares de sangre periférica fue amplificado con doble ronda de PCR para los tres genes analizados. El subtipo y perfil de cuasiespecies fue determinado por el Ensayo de Movilidad Electroforética de Heteroduplex (HMA) en los genes env y gag. Con la técnica de secuenciación de nucleótidos determinamos las MLR y subtipo del gen pol. Por la técnica de LIPA se estudiaron las MLR a IPr en 14 pacientes El subtipo B fue identificado en las tres regiones genómicas estudiadas en todos los aislados. Se observó un mayor número de cuasiespecies complejas en la región de env. Las mutaciones más frecuentes para ITR fueron la M184V (66,6%) y T215Y/F (27,7%), y para IPr la L90M (35%), M46I/L (25%) y V82A/F (20%). Se identificaron por primera vez en el país las mutaciones T69S, L74V para ITR y D30N, I84V, I50V para IPr. La mayor complejidad en la cuasispecie de env pudiera ser debida a la presión selectiva ejercida por la respuesta inmune en esa región viral desde el inicio de la infección. La identificación de MLR emergentes subraya la necesidad de instaurar su monitoreo regular para el tratamiento efectivo de los pacientes y mejor control de la epidemia.