

En busca de un mejor tratamiento para el VIH en niños

Un grupo de científicos españoles investiga cómo muta el VIH en los más pequeños para conseguir nuevos antivirales con más vida media y tratamientos personalizados. Solo en la actualidad hay más de 24 millones de personas afectadas en el mundo y 3 millones de ellos son niños.

SINC

9/5/2017 12:49 CEST

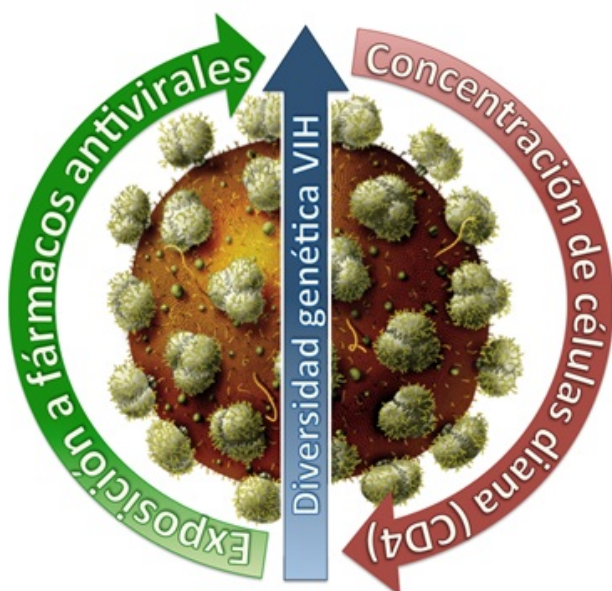


Imagen: Wikipedia.

Desde su descubrimiento en 1986, el virus de la inmunodeficiencia humana adquirida (VIH), causante del sida, ha sido considerado como el responsable de una de las epidemias más devastadoras de las últimas décadas. Solo en la actualidad hay más de 24 millones de personas afectadas en el mundo y 3 millones de ellos son niños.

El desarrollo y optimización de estrategias de lucha contra el sida es una prioridad sanitaria global, como reconoce la [Organización Mundial de la Salud](#) (OMS) en su último [informe](#). Y esa necesidad se agudiza en los más pequeños, ya que en ellos el VIH puede resultar muy agresivo debido a que las opciones terapéuticas son menores, y a la enorme capacidad del virus para generar diversidad genética y evolucionar rápidamente.

En la población infantil el VIH puede resultar muy agresivo debido a que las opciones terapéuticas son menores

Esta alta velocidad de evolución le permite generar mutaciones en su genoma que hacen resistente a la acción de los fármacos antivirales, de modo que estos se vuelven ineficaces en un corto periodo de tiempo.

Sin embargo, pese la importancia de este fenómeno, los factores que determinan la evolución del VIH en niños no se han estudiado en profundidad. Por ello, un equipo de investigadores del [Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas](#) (CBGP), centro mixto de la Universidad Politécnica de Madrid y el INIA, ha estudiado qué factores relacionados con la manifestación clínica del sida afectan a la evolución del VIH en niños.

En el trabajo, en el que también participan expertos del [Hospital Ramón y Cajal](#) de Madrid y la red CoRIspe, Israel Pagán y sus colaboradores han utilizado muestras de sangre de 163 niños infectados, pertenecientes a la cohorte de pacientes de la Comunidad de Madrid. Los resultados se publican en *PLoS ONE*.

El objeto fue analizar cómo la abundancia y concentración de células CD4 (diana del VIH), la carga viral, y la presencia y tiempo de exposición a tratamientos antivirales afectan a la diversidad genética y al número de mutaciones de resistencia a fármacos antivirales en las poblaciones infectadas.

“Una de las principales novedades de este trabajo consiste en que, a diferencia de estudios previos, el efecto de todos estos factores se ha analizado conjuntamente”, explica el investigador del CBGP.

Optimizar la lucha contra el VIH

Dado que durante el curso de la infección todos los factores clínicos incluidos en el estudio varían simultáneamente, esta aproximación permite analizar de modo más realista la interacción entre los distintos factores

clínicos y su importancia relativa en la evolución del VIH.

Este estudio contribuye a entender qué factores modulan la vida media de los antivirales, lo que optimiza las estrategias contra el VIH

“Los resultados muestran que los dos factores clínicos más importantes en la evolución del virus en niños son el tiempo de exposición a fármacos antivirales y la concentración de células CD4”, expone Pagán.

Lo llamativo es que estos factores tienen efectos opuestos: cuánto mayor es el tiempo de exposición a fármacos antivirales y menor es la concentración de células CD4, mayor es la diversidad genética del VIH y la cantidad de mutaciones de resistencia a los antivirales en su genoma.

La importancia de este estudio radica en que contribuye a entender qué factores modulan la vida media de los fármacos antivirales, lo que puede optimizar las estrategias de lucha contra el VIH.

“Los datos que manejamos podrían ser la base para futuros análisis que identifiquen aquellos fármacos específicos que limitan la aparición de mutaciones de resistencia y, por tanto, que tienen mayor vida media. También abren la puerta a la construcción de modelos matemáticos que ayuden a predecir, para cada paciente y de modo personalizado, la probabilidad de aparición de mutaciones de resistencia dado su estado clínico e historial de fármacos antivirales”, concluye Pagan.

Referencia bibliográfica:

Pagán I, Rojas P, Ramos JT, Holguín Á (2016) Clinical Determinants of HIV-1B Between-Host Evolution and their Association with Drug Resistance in Pediatric Patients. *PLoS ONE* 11(12): e0167383.

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

VIH | SIDA | SALUD |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)