

VARIABILIDAD EN LA DETERMINACIÓN DEL TROPISMO VIRAL DEL VIH UTILIZANDO DIFERENTES ALGORITMOS GENOTÍPICOS DE INTERPRETACIÓN EN PACIENTES VIH-1 INFECTADOS CON SUBTIPOS B VERSUS NO-B

Rodríguez, José Javier; Seclén, Eduardo; Poveda, Eva; Varela, Eduardo; Regueiro, Benito; Aguilera, Antonio

Enferm Infecc Microbiol Clin. 2011;29:4-8.

Resumen: Antecedentes. Las herramientas genotípicas establecidas en el análisis de la región V3 de la envoltura del VIH llegan a ser la alternativa a los ensayos fenotípicos para la determinación del tropismo del VIH por los receptores de quimiocinas CCR5 y CXCR4 en la práctica clínica. Este trabajo evalúa la concordancia entre los distintos algoritmos de interpretación genotípica actualmente disponibles en pacientes VIH infectados con subtipo B versus subtipos no-B.

Métodos: Se optaron por PVVS, que procedían del Complejo Hospitalario Universitario de Santiago de Compostela, España. Se les tomó muestras de plasma, y se realizó la amplificación y secuenciación de la región inmunógena *asa* V3 de la cubierta viral. Se determinó el tropismo viral utilizando 8 algoritmos genotípicos diferentes. La concordancia entre los distintos predictores se evaluó calculando el índice de concordancia kappa. El subtipo genético fue determinado por análisis filogenético.

Resultados: El tamaño de la muestra fue de 92 pacientes, de las que 72 presentaban el subtipo B y 20 por el subtipo no-B. En pacientes con subtipo B, se obtuvieron valores significativos de kappa para todas las combinaciones posibles (n=28) entre

los algoritmos genotípicos analizados. Los mejores valores entre predictores no relacionados se obtuvieron para $\text{webPSSM}_{\text{SINSI}}/\text{Wetcat}_{\text{PART}}$ (k: 0,771) y $\text{webPSSM}_{\text{SINSI}}/\text{geno2pheno}$ (k: 0,574). En subtipos no-B solo se obtuvieron valores significativos para 13 combinaciones, correspondiendo los mejores a $\text{PSSM}_{\text{X4R5}}/\text{Wetcat}_{\text{PART}}$ (k: 0,600) y $\text{PSSM}_{\text{SINSI}}/\text{Charge rule}$ (k: 0,590).

Conclusión: El conocer el tipo de quimiocina sea CCR5 y/o CXCR4 en el momento es determinante para realizar la terapia dirigida a impedir el acceso del VIH en la célula humana, lo que impide la fusión paso inevitable que debe establecerse para que el virus ingrese a la membrana celular y se produzcan los cambios conformacionales y se deposite el RNA viral al medio plasmático celular de la célula invadida. El mejor resultado que se demuestra es una alta concordancia entre los distintos algoritmos genotípicos utilizados para la determinación del tropismo viral en pacientes infectados con subtipo B, especialmente con $\text{webPSSM}_{\text{SINSI}}$ y geno2pheno o Wetcat , en cambio, la concordancia general de los algoritmos para subtipos no-B presentó resultados menores.

Palabras clave Predictores genotípicos. Tropismo. Concordancia.