



**Ejemplo del virus del VIH tratando de engañar al sistema inmunitario.** COMUNICACIÓN CIENTÍFICA NEXU Y TRINITY COLLEGE DUBLIN

DESCUBRIMIENTO EN ESTADOS UNIDOS

## Laboratorio halla nueva cepa poco común del VIH

**NUEVA YORK.** AFP. Un laboratorio en Estados Unidos identificó a un nuevo subtipo del virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) y dijo que el hallazgo mostró que la secuenciación del genoma está ayudando a los investigadores a adelantarse a las mutaciones.

La cepa, VIH-1 Grupo M subtipo L, se ha registrado en tres personas a partir de muestras de sangre tomadas entre 1980 y 2001, todas en la República Democrática del Congo, dijeron a la AFP los laboratorios Abbott el jueves.

Para clasificar a un nuevo subtipo, tres casos deben ser descubiertos de manera independiente, según las directrices emitidas en 2000.

El Grupo M es la forma más frecuente del virus VIH-1. El subtipo L es el décimo de este grupo y el primero en ser identificado desde que se emitieron las directrices.

Los medicamentos anti-retrovirales, que reducen la carga viral de un portador de VIH hasta que la infección es indetectable y no se puede transmitir más, generalmente han funcionado bien contra una variedad de subtipos, según la investigación.

Pero hay evidencia de dife-

rencias de subtipo en la resistencia a los medicamentos.

“Dado que el subtipo L es parte del grupo principal de VIH, el Grupo M, esperaríamos que los tratamientos actuales funcionen con él”, dijo a la AFP Mary Rodgers, científica principal de la investigación.

Añadió que Abbott estaba poniendo la secuencia a disposición de la comunidad investigadora para evaluar su impacto en las pruebas de diagnóstico, tratamientos y posibles vacunas.

**Mayor alcance.** “En un mundo cada vez más conectado, ya no podemos pensar en virus contenidos en una ubicación”, agregó Carole McArthur, profesora de ciencias orales y craneofaciales en la Universidad de Missouri Kansas City, quien fue coautora de un artículo sobre el hallazgo en el *Journal of Acquired Immune Deficiency Syndromes (JAIDS)*.

La tercera muestra se recolectó hace 18 años, pero era difícil de secuenciar por las limitaciones técnicas de la época.

Abbot dijo que el avance se dio por la tecnología de secuenciación de próxima generación, que permitió construir un genoma completo a mayor velocidad y menor costo. ■